

Pigmente, die von einigen Algen, Pflanzen und Mikroorganismen als Sekundärmetabolite produziert werden.

IAP20 Rec'd PCT/PTO 17 FEB 2006

Aufgrund ihrer farbgebenden Eigenschaften werden die Ketocarotinoide und insbesondere Astaxanthin als Pigmentierhilfsstoffe in der Tierernährung, insbesondere in der Forellen-, Lachs- und Shrimpszucht verwendet.

Ein wirtschaftliches biotechnologisches Verfahren zur Herstellung von natürlichen, biosynthetischen Produkten und insbesondere Carotinoiden ist daher von großer Bedeutung.

WO 0032788 beschreibt einige Carotinoid Biosynthesegene aus Pflanzen der Gattung Tagetes und offenbart, wie genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes hergestellt werden könnten, um in den Petalen verschiedene Carotinoidprofile zu erhalten und damit gezielt bestimmte Carotinoide herzustellen. Dazu ist es nötig, einige Biosynthesegene überzuexprimieren und andere zu unterdrücken.

Zur Überexpression der neu gefundenen Carotinoid-Biosynthesegene in Pflanzen der Gattung Tagetes wird in WO 0032788 der petalenspezifische Promotor der Ketolase aus Adonis vernalis postuliert.

Aufgrund einer Vielzahl möglicher Schwierigkeiten bei der Überexpression bestimmter Gene besteht ein ständiges Bedürfnis, weitere Promotoren zur Verfügung zu stellen, die eine Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes ermöglichen.

Der Erfindung lag daher die Aufgabe zu Grunde, weitere Promotoren zur Verfügung zu stellen, die die Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes ermöglichen.

Demgemäß wurde gefunden, dass sich die Promotoren, ausgewählt aus der Gruppe

30

- A) EPSPS Promotor
- B) B-Gene Promotor
- C) PDS Promotor und
- D) CHRC Promotor

35

sehr gut zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes eignen, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.

Die Erfindung betrifft daher die Verwendung eines Promotors, ausgewählt aus der Gruppe

- A) EPSPS Promotor
- 5 B) B-Gene Promotor
- C) PDS Promotor und
- D) CHRC Promotor

zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes, mit der Maßgabe, dass
10 Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes
von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.

Benfey et al. (Plant Cell Volume 2, pp. 849-856) beschreiben den EPSPS Promotor
aus Petunia als petalenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in Petunia
15 hybrida.

Ronen et al. (PNAS Volume 97, Number 20, 11102-11107 beschreiben den B-GENE
Promotor aus Tomate als blütenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in
Tomaten.

20 Corona et al. (Plant Journal Volume 9 Number 4 pp. 505-512), Mann et al. (Nature Biotechnology Volume 18 pp. 888-892) und Rosati et al. (Plant Journal Volume 24 Number 3 413-419) beschreiben den PDS Promotor aus Tomate als frucht- und blütenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in Tomaten und Tabak.

25 Vishnevetsky et al. (Plant Journal Volume 20 Number 4 pp. 423-431) beschreiben den CHRC Promotor aus Gurke als blütenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in Gurke, und weiteren Pflanzen wie z.B. Nelke, Sonnenblume, Tabak.

30 Es sind weiterhin zahlreiche blütenspezifische Promotoren aus verschiedenen Organismen in der Literatur bekannt. Dabei wurde überraschend festgestellt, dass viele dieser Promotoren in Pflanzen der Gattung Tagetes nicht zur Expression, insbesondere nicht zur blütenspezifischen oder petalenspezifischen Expression von Genen führen.

35 Es war daher überraschend, dass sich die Promotoren, ausgewählt aus der Gruppe

- A) EPSPS Promotor
- B) B-Gene Promotor

- C) PDS Promotor und
- D) CHRC Promotor

5 sehr gut zur Expression, insbesondere zur blütenspezifischen und besonderes bevorzugt zur petalenspezifischen Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes eignen.

Unter einem Promotor wird erfindungsgemäß eine Nukleinsäure mit Expressionsaktivität verstanden, also eine Nukleinsäure verstanden, die in funktioneller Verknüpfung mit 10 einer zu exprimierenden Nukleinsäure, im folgenden auch Gen bezeichnet, die Expression, also die Transkription und die Translation dieser Nukleinsäure oder dieses Gens reguliert.

Unter „Transkription“ wird erfindungsgemäß der Prozess verstanden, durch den ausgehend von einer DNA-Matrize ein komplementäres RNA-Molekül hergestellt wird. An 15 diesem Prozess sind Proteine wie die RNA-Polymerase, sogenannte Sigma-Faktoren und transkriptionelle Regulatorproteine beteiligt. Die synthetisierte RNA dient dann als Matrize im Prozess der Translation, der dann zum biosynthetisch aktiven Protein führt.

20 Unter einer „funktionellen Verknüpfung“ versteht man in diesem Zusammenhang beispielsweise die sequentielle Anordnung einer der erfindungsgemäßen Promotoren und einer zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz und ggf. weiterer regulativer Elemente wie zum Beispiel einem Terminator derart, dass jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der Nukleinsäuresequenz erfüllen kann. Dazu ist nicht 25 unbedingt eine direkte Verknüpfung im chemischen Sinne erforderlich. Genetische Kontrollsequenzen, wie zum Beispiel Enhancer-Sequenzen, können ihre Funktion auch von weiter entfernten Positionen oder gar von anderen DNA-Molekülen aus auf die Zielsequenz ausüben. Bevorzugt sind Anordnungen, in denen die zu exprimierende Nukleinsäuresequenz oder das zu exprimierende Gen hinter (d.h. am 3'-Ende) der erfindungsgemäßen Promotorsequenz positioniert wird, so dass beide Sequenzen kovalent miteinander verbunden sind. Bevorzugt ist dabei der Abstand zwischen der Promotorsequenz und der zu exprimierende Nukleinsäuresequenz geringer als 200 Basenpaare, besonders bevorzugt kleiner als 100 Basenpaare, ganz besonders bevorzugt 30 kleiner als 50 Basenpaare.

35 Unter „Expressionsaktivität“ wird erfindungsgemäß die in einer bestimmten Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein, also die Expressionsrate, verstanden.

Unter „spezifischer Expressionsaktivität“ wird erfindungsgemäß die in einer bestimmten Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein pro Promotor verstanden.

- Bei einer „verursachten Expressionsaktivität“ oder „verursachten Expressionsrate“ im
5 Bezug auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp die Bildung eines Proteins verursacht, das im Wildtyp so nicht vorhanden war.

- Bei einer „erhöhten Expressionsaktivität“ oder „erhöhten Expressionsrate“ im Bezug auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer
10 bestimmten Zeit die gebildete Menge des Proteins erhöht.

- Die Bildungsrate, mit der ein biosynthetisch aktives Protein hergestellt wird, ist ein Produkt aus der Rate der Transkription und der Translation. Beide Raten können erfindungsgemäß beeinflusst werden und damit die Rate der Bildung von Produkten in einem Mikroorganismus beeinflussen.
15

- Die Bezeichnung „dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem „jeweiligen“ Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind“, bedeutet, dass beispielsweise der EPSPS Promotor aus Pflanzen der
20 Gattung Tagetes nicht zur Expression von EPSPS-Genen aus Pflanzen der Gattung Tagetes verwendet wird. Dahingegen kann das EPSPS-Gen aus Pflanzen der Gattung Tagetes erfindungsgemäß durch einen B-Gene Promotor, PDS Promotor oder CHRC Promotor aus Pflanzen der Gattung Tagetes exprimiert werden.

- 25 Unter dem Begriff "Wildtyp" oder „Wildtyppflanze“ wird erfindungsgemäß die entsprechende Ausgangspflanze der Gattung Tagetes verstanden.

- Je nach Zusammenhang kann unter dem Begriff "Pflanze" die Ausgangspflanze (Wildtyp) oder eine erfindungsgemäße, genetisch veränderte Pflanze der Gattung Tagetes
30 oder beides verstanden werden.

- Vorzugsweise wird unter "Wildtyp" für die Erhöhung oder Verursachung der Expressionsaktivität oder Expressionsrate und für die Erhöhung des Gehalts an biosynthetischen Produkten die Pflanze *Tagetes erecta*, insbesondere die Pflanze *Tagetes erecta*
35 Hybrid 50011 (WO 02012438) als Referenzorganismus verstanden.

- Unter einem „EPSPS Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine 5-Enolpyruylshikimat-3-phosphatsynthase, regulieren, sowie von diesen
40 Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder

durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.

- 5 Diese EPSPS Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen EPSPS Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren, kodierend eine 5-
10 Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase, auffinden.

Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren, kodierend eine 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase, verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in der Promotorsequenz.

- 15 Unter einer 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Shikimat-3-Phosphat in 5-Enolpyruvylshikimat-3-Phosphat umzuwandeln.

20 Bevorzugte EPSPS Promotoren enthalten

- A1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 oder
A2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von
Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 %
25 auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder
3 aufweist oder
A3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO.
1, 2 oder 3 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
A4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter A1), A2) oder A3)

- 30
Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1 stellt eine Promotorsequenz der 5-
Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase (EPSPS) aus Petunia hybrida (AAH19653)
dar.

- 35 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 stellt eine Promotorsequenz der 5-
Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase (EPSPS) aus Petunia hybrida (M37029) dar.

- 40 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 3 stellt eine weitere Promotorsequenz der 5-
Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase (EPSPS) aus Petunia hybrida dar.

Die Erfindung betrifft weiterhin EPSPS Promotoren, enthaltend eine von diesen Sequenzen (SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3) durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 1,2 oder 3 aufweist.

Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße EPSPS Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der 10 Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 1, 2 oder 3 leicht auffinden.

Künstliche erfindungsgemäße EPSPS Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 1, 2 oder 3 durch künstliche Variation und Mutation, 15 beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auffinden.

Die folgenden Definition und Bedingungen der Identitätsvergleiche und Hybridisierungsbedingungen gelten für alle Nukleinsäuren, also alle Promotoren und Gene der 20 Beschreibung.

Unter dem Begriff "Substitution" ist der Austausch einer oder mehrerer Nukleotide durch ein oder mehrere Nukleotide zu verstehen. „Deletion“ ist das Ersetzen eines Nukleotides durch eine direkte Bindung. Insertionen sind Einfügungen von Nukleotiden 25 in die Nukleinsäuresequenz, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere Nukleotide ersetzt wird.

Unter Identität zwischen zwei Nukleinsäuren wird die Identität der Nukleotide über die jeweils gesamte Nukleinsäurelänge verstanden, insbesondere die Identität die durch 30 Vergleich mit Hilfe der Vector NTI Suite 7.1 Software der Firma Informax (USA) unter Anwendung der Clustal Methode (Higgins DG, Sharp PM. Fast and sensitive multiple sequence alignments on a microcomputer. Comput Appl Biosci. 1989 Apr;5(2):151-1) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

35 Multiple alignment parameter:
Gap opening penalty 10
Gap extension penalty 10
Gap separation penalty range 8
Gap separation penalty off
40 % identity for alignment delay 40

Residue specific gaps off
Hydrophilic residue gap off
Transition weighing 0

- 5 Pairwise alignment parameter:
FAST algorithm on
K-tuplesize 1
Gap penalty 3
Window size 5
10 Number of best diagonals 5

Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 1 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 2, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 3 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 3, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

- 25 Besonders bevorzugte EPSPS Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.
- 30 Weitere natürliche Beispiele für EPSPS Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 1, 2 oder 3, aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.
- 35 40

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher EPSPS Promotoren, enthaltend eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 1, 2 oder 3 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12,15,30,50 oder besonders bevorzugt mehr als 150

5 Nukleotide.

Unter "hybridisieren" versteht man die Fähigkeit eines Poly- oder Oligonukleotids, unter stringenten Bedingungen an eine nahezu komplementäre Sequenz zu binden, während unter diesen Bedingungen unspezifische Bindungen zwischen nicht-komplementären

10 Partnern unterbleiben. Dazu sollten die Sequenzen vorzugsweise zu 90-100% komplementär sein. Die Eigenschaft komplementärer Sequenzen, spezifisch aneinander binden zu können, macht man sich beispielsweise in der Northern- oder Southern-Blot-Technik oder bei der Primerbindung in PCR oder RT-PCR zunutze.

15 Die Hybridisierung erfolgt erfinnungsgemäß unter stringenten Bedingungen. Solche Hybridisierungsbedingungen sind beispielsweise bei Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., in: Molecular Cloning (A Laboratory Manual), 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Seiten 9.31-9.57 oder in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6 beschrieben:

20 Unter stringenten Hybridisierungs-Bedingungen werden insbesondere verstanden: Die über Nacht Inkubation bei 42°C in einer Lösung bestehend aus 50 % Formamid, 5 x SSC (750 mM NaCl, 75 mM Tri-Natrium Citrat), 50 mM Natrium Phosphat (ph7,6), 5x Denhardt Lösung, 10% Dextranulfat und 20 g/ml denaturierte, gescheerte
25 Lachsspermien-DNA, gefolgt von einem Waschen der Filter mit 0,1x SSC bei 65°C.

Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Ausgangssequenz.

30 Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.

35 Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform A1), A2) oder A3) beschriebenen EPSPS Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12,15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ.

ID. NO. 1, 2 oder 3 auf.

Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 als EPSPS Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung

5 Tagetes.

Alle vorstehend erwähnten EPSPS Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäure-

10 bausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren
15 werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

Unter einem „B-Gene Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Lycopin- β -Cyclase, insbesondere eine chromoplastenspezifische Lycopin- β -Cyclase, regulieren, sowie von diesen Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.

25 Diese B-Gene Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen B-Gene Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren, kodierend eine Lycopin- β -Cyclase, auffinden.
30

Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren, kodierend eine Lycopin- β -Cyclase, verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in
35 der Promotorsequenz.

Unter einer Lycopin- β -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Lycopin in γ -Carotin und/oder β -Carotin umzuwandeln.

Bevorzugte B-Gene Promotoren enthalten

- B1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 oder
5 B2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von
Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 %
auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder
6 aufweist oder
B3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO.
10 4, 5 oder 6 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
B4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter B1), B2) oder B3)

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 stellt eine Promotorsequenz der chro-
moplastenspezifischen Lycopin-β-Cyclase (B-Gene) aus *Lycopersicon esculentum*
(AAZ51517) dar.

- 15 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 5 stellt eine Promotorsequenz der chro-
moplastenspezifischen Lycopin-β-Cyclase (B-Gene) aus *Lycopersicon esculentum*
(AAZ51521) dar.
- 20 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 stellt eine weitere Promotorsequenz der
chromoplastenspezifischen Lycopin-β-Cyclase (B-Gene) aus *Lycopersicon esculentum*
dar.

- 25 Die Erfindung betrifft weiterhin B-Gene Promotoren, enthaltend eine von diesen Se-
quenzen (SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6) durch Substitution, Insertion oder Deletion von
Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nuklein-
säureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 aufweist.

- 30 Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße B-Gene
Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren
genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der
Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen
Sequenzen SEQ ID NO: 4, 5 oder 6 leicht auffinden.
- 35 Künstliche erfindungsgemäße B-Gene Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend
von den Sequenzen SEQ ID NO: 4, 5 oder 6 durch künstliche Variation und Mutation,
beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auf-
finden.

Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 4 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 4, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 5 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 5, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 6 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 6, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

Besonders bevorzugte B-Gene Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.

Weitere natürliche Beispiele für B-Gene Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 4, 5 oder 6 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher B-Gene Promotoren, enthaltend eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 4, 5 oder 6 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12,15,30,50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 Nukleotide.

35

Die Hybridisierungbedingungen sind vorstehend beschrieben.

Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden, die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Aus-

gangssequenz.

- Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden, die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.
- 5

- Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform B1), B2) oder B3) beschriebenen B-Gene Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese 10 Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 auf.

- 15 Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 als B-Gene Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes.

- Alle vorstehend erwähnten B-Gene Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise 20 durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der 25 DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

- Unter einem „PDS Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in 30 Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Phytoendesaturase, regulieren, sowie von diesen Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.

- 35 Diese PDS Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen PDS Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren, kodierend eine Phytoende-
- 40

saturase, auffinden.

Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren, kodierend eine Phytoendesaturase, verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in
5 der Promotorsequenz.

Unter einer Phytoendesaturase wird vorzugsweise ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Phytoen in Phytofluen umzuwandeln.

10 Bevorzugte PDS Promotoren enthalten

- C1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 oder
- C2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von
15 Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 aufweist oder
- C3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- C4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter C1), C2) oder C3)

20 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7 stellt eine Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* (U46919) dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 8 stellt eine Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* (X78271) dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 9 stellt eine Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* (X171023) dar.

30 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 10 stellt eine weitere Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* dar.

Die Erfindung betrifft weiterhin PDS Promotoren, enthaltend eine von diesen Sequenzen (SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10) durch Substitution, Insertion oder Deletion von
35 Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 aufweist.

Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße PDS Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische
40 Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Nukleinsäuresequenzen aus Da-

tenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 7, 8, 9 oder 10 leicht auffinden.

Künstliche erfindungsgemäße PDS Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend von 5 den Sequenzen SEQ ID NO: 7, 8, 9 oder 10 durch künstliche Variation und Mutation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auffinden.

Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Se- 10 quenz SEQ ID NO: 7 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz ver- standen, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 7, ins- besondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

15 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Se- quenz SEQ ID NO: 8 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz ver- standen, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 8, ins- besondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

20 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Se- quenz SEQ ID NO: 9 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz ver- standen, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 9, ins- besondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

25 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Se- quenz SEQ ID NO: 10 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz ver- standen, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 10, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine I- 30 dentität von mindestens 60 % aufweist.

Besonders bevorzugte PDS Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäurese- 35 quenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.

Weitere natürliche Beispiele für PDS Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von 40 den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 7, 8, 9 oder 10 aus verschiedenen Organismen, deren

genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher PDS Promotoren, enthaltend eine

5 Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 7, 8, 9 oder 10 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 Nukleotide.

10 Die Hybridisierungsbedingungen sind vorstehend beschrieben.

Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden, die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Ausgangssequenz.

15

Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden, die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.

20

Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform C1), C2) oder C3) beschriebenen PDS Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ.

25 ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 auf.

Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 als PDS Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes.

30

Alle vorstehend erwähnten PDS Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor 40 Laboratory Press, beschrieben.

- Unter einem „CHRC Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend ein Chromoplasten-assoziiertes Protein C regulieren, sowie von diesen Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.
- 5 10 15 20 25 30 35 40
- Diese CHRC Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen CHRC Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren kodierend ein Chromoplasten-assoziiertes Protein C auffinden.

Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren kodierend ein Chromoplasten-assoziiertes Protein C verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in der Promotorsequenz.

- 20 Bevorzugte CHRC Promotoren enthalten

- D1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 oder
D2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von
25 Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 aufweist oder
D3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
30 D4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter D1), D2) oder D3)

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11 stellt eine Promotorsequenz des Chromoplasten-assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke (AAV36416) dar.

- 35 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 12 stellt eine weitere Promotorsequenz des Chromoplasten-assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 13 stellt eine weitere Promotorsequenz des Chromoplasten-assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 14 stellt eine weitere Promotorsequenz des chromoplasten assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke dar.

- Die Erfindung betrifft weiterhin CHRC Promotoren, enthaltend eine von diesen Sequenzen (SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14) durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 aufweist.
- Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße CHRC Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 11, 12, 13, oder 14 leicht auffinden.
- Künstliche erfindungsgemäße CHRC Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 11, 12, 13, oder 14 durch künstliche Variation und Mutation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auffinden.
- Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 11 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 11, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.
- Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 12 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 12, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.
- Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 13 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 13, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.
- Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 14 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 14,

insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

5 Besonders bevorzugte CHRC Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.

10 Weitere natürliche Beispiele für CHRC Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 11, 12, 13, oder 14 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

15 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher CHCRC Promotoren, enthaltend eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 11, 12, 13, oder 14 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12,15,30,50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 Nukleotide.

20 Die Hybridisierungbedingungen sind vorstehend beschrieben.

Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden, die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Ausgangssequenz.

25 Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden, die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.

30 Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform D1), D2) oder D3) beschriebenen CHRC Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12,15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 auf.

35 Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 als CHRC Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der

Gattung Tagetes.

Alle vorstehend erwähnten CHRC Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch 5 Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA- 10 Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

Mit den erfindungsgemäßen Promotoren lässt sich prinzipiell jedes Gen, also jede Nukleinsäure, kodierend ein Protein, in Pflanzen der Gattung Tagetes exprimieren, insbesondere blütenspezifisch exprimieren, besonders bevorzugt petalenspezifisch exprimieren. 15

Diese in Pflanzen der Gattung Tagetes zu exprimierenden Gene werden im folgenden 20 auch „Effektgene“ genannt.

Bevorzugte Effektgene sind beispielsweise Gene aus dem Biosyntheseweg von Geruchsstoffen und Blütenfarben, deren Expression oder erhöhte Expression in Pflanzen der Gattung Tagetes zu einer Veränderung der Geruchs und/oder der Blütenfarbe von 25 Blüten der Pflanzen der Gattung Tagetes führt.

Die Biosynthese von flüchtigen Geruchskomponenten, speziell in Blüten, wurde in den letzten Jahren an verschiedenen Modellorganismen wie Clarkia breweri und Antirrhinum majus L. studiert, Flüchtige Geruchskomponenten werden beispielsweise innerhalb des 30 Monoterpen- und Phenylpropan-Stoffwechsels gebildet werden. Im ersten Fall handelt es sich um Linalool; von den Phenylpropanen sind Methylenugenol, Benzylacetat, Methylbenzoat und Methylsalicat abgeleitet.

Für die Biosynthese von Linalool, (Iso)Methyleugenol, Benzylacetat und Methylsalicinat 35 sind bevorzugte Gene ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend eine Linalool-Synthase (LIS), Nukleinsäuren kodierend eine S-Adenosyl-L-Met:(iso)-Eugenol-O-Methyltransferase (IEMT), Nukleinsäuren kodierend eine Acetyl-CoA-Benzylalkohol-Acetyltransferase und Nukleinsäuren kodierend eine S-Adenosyl-L-Met:Salicylsäure-Methyltransferase (SAMT). Nukleinsäuresequenzen und Proteinsequenzen zu den 40 genannten enzymatischen Aktivitäten sind in Dudareva et al. Plant Cell 8 (1996), 1137-

1148; Wang et al. Plant Physiol. 114 (1997), 213-221 und Dudareva et al. Plant J. 14 (1998) 297-304) beschrieben.

5 Besonders bevorzugte Effektgene sind Gene aus Biosynthesewegen von biosynthetischen Produkten die in Pflanzen der Gattung Tagetes natürlicherweise, d.h. im Wildtyp oder durch genetische Veränderung des Wildtyps hergestellt werden können, insbesondere in Blüten hergestellt werden können, besonders bevorzugt in Petalen hergestellt werden können.

10 Bevorzugte biosynthetische Produkte sind Feinchemikalien.

Der Begriff "Feinchemikalie" ist im Fachgebiet bekannt und beinhaltet Verbindungen, die von einem Organismus produziert werden und in verschiedenen Industriezweigen Anwendungen finden, wie bspw., jedoch nicht beschränkt auf die pharmazeutische 15 Industrie, die Landwirtschafts-, Kosmetik, Food und Feed-Industrie. Diese Verbindungen umfassen organische Säuren, wie beispielsweise Weinsäure, Itaconsäure und Diaminopimelinsäure, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Purin- und Pyrimidinbasen, Nukleoside und Nukleotide (wie bspw. beschrieben in Ku-
ninaka, A. (1996) Nucleotides and related compounds, S. 561-612, in Biotechnology
20 Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten), Lipide, gesättigte und ungesättigte Fettsäuren (bspw. Arachidonsäure), Diole (bspw. Propano-
diol und Butandiol), Kohlenhydrate (bspw. Hyaluronsäure und Trehalose), aromatische Verbindungen (bspw. aromatische Amine, Vanillin und Indigo), Vitamine, Carotinoide und Cofaktoren (wie beschrieben in Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry,
25 Bd. A27, "Vitamins", S. 443-613 (1996) VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten; und Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological
Associations in Malaysia and the Society for Free Radical Research - Asien,
abgehalten am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press (1995)), Enzyme und
30 sämtliche anderen von Gutcho (1983) in Chemicals by Fermentation, Noyes Data Cor-
poration, ISBN: 0818805086 und den darin angegebenen Literaturstellen, beschriebe-
nen Chemikalien). Der Metabolismus und die Verwendungen bestimmter Feinchemika-
lien sind nachstehend weiter erläutert.

35 I. Aminosäure-Metabolismus und Verwendungen

Die Aminosäuren umfassen die grundlegenden Struktureinheiten sämtlicher Proteine und sind somit für die normalen Zellfunktionen essentiell. Der Begriff "Aminosäure" ist im Fachgebiet bekannt. Die proteinogenen Aminosäuren, von denen es 20 Arten gibt, 40 dienen als Struktureinheiten für Proteine, in denen sie über Peptidbindungen miteinan-

der verknüpft sind, wohingegen die nicht-proteinogenen Aminosäuren (von denen Hunderte bekannt sind) gewöhnlich nicht in Proteinen vorkommen (siehe Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 57-97 VCH: Weinheim (1985)). Die Aminosäuren können in der D- oder L-Konfiguration vorliegen, obwohl L-Aminosäuren gewöhnlich der einzige Typ sind, den man in natürlich vorkommenden Proteinen findet. Biosynthese- und Abbauwege von jeder der 20 proteinogenen Aminosäuren sind sowohl bei prokaryotischen als auch eukaryotischen Zellen gut charakterisiert (siehe bspw. Stryer, L. Biochemistry, 3. Auflage, S. 578-590 (1988)). Die "essentiellen" Aminosäuren (Histidin, Isoleucin, Leucin, Lysin, Methionin, Phenylalanin, Threonin, Tryptophan und Valin), so bezeichnet, da sie aufgrund der Komplexität ihrer Biosynthese mit der Ernährung aufgenommen werden müssen, werden durch einfache Biosynthesewege in die übrigen 11 "nichtessentiellen" Aminosäuren (Alanin, Arginin, Asparagin, Aspartat, Cystein, Glutamat, Glutamin, Glycin, Prolin, Serin und Tyrosin) umgewandelt. Höhere Tiere besitzen die Fähigkeit, einige dieser Aminosäuren zu synthetisieren, jedoch müssen die essentiellen Aminosäuren mit der Nahrung aufgenommen werden, damit eine normale Proteinsynthese stattfindet.

Abgesehen von ihrer Funktion bei der Proteinbiosynthese sind diese Aminosäuren interessante Chemikalien an sich, und man hat entdeckt, daß viele bei verschiedenen Anwendungen in der Nahrungsmittel-, Futter-, Chemie-, Kosmetik-, Landwirtschafts- und pharmazeutischen Industrie zum Einsatz kommen. Lysin ist nicht nur für die Ernährung des Menschen eine wichtige Aminosäure, sondern auch für monogastrische Tiere, wie Geflügel und Schweine. Glutamat wird am häufigsten als Geschmacksadditiv (Mononatriumglutamat, MSG) sowie weithin in der Nahrungsmittelindustrie verwendet, wie auch Aspartat, Phenylalanin, Glycin und Cystein. Glycin, L-Methionin und Tryptophan werden sämtlich in der pharmazeutischen Industrie verwendet. Glutamin, Valin, Leucin, Isoleucin, Histidin, Arginin, Prolin, Serin und Alanin werden in der pharmazeutischen Industrie und der Kosmetikindustrie verwendet. Threonin, Tryptophan und D-/L-Methionin sind weitverbreitete Futtermittelzusätze (Leuchtenberger, W. (1996) Amino acids - technical production and use, S. 466-502 in Rehm et al., (Hrsg.) Biotechnology Bd. 6, Kapitel 14a, VCH: Weinheim). Man hat entdeckt, daß sich diese Aminosäuren außerdem als Vorstufen für die Synthese von synthetischen Aminosäuren und Proteinen, wie N-Acetylcystein, S-Carboxymethyl-L-cystein, (S)-5-Hydroxytryptophan und anderen, in Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 57-97, VCH, Weinheim, 1985 beschriebenen Substanzen eignen.

Die Biosynthese dieser natürlichen Aminosäuren in Organismen, die sie produzieren können, bspw. Bakterien, ist gut charakterisiert worden (für einen Überblick der bakteriellen Aminosäure-Biosynthese und ihrer Regulation, s. Umbarger, H.E. (1978) Ann. Rev. Biochem. 47: 533 - 606). Glutamat wird durch reduktive Aminierung von α -

Ketoglutarat, einem Zwischenprodukt im Citronensäure-Zyklus, synthetisiert. Glutamin, Prolin und Arginin werden jeweils nacheinander aus Glutamat erzeugt. Die Biosynthese von Serin erfolgt in einem Dreischritt-Verfahren und beginnt mit 3-Phosphoglycerat (einem Zwischenprodukt bei der Glykolyse), und ergibt nach Oxidations-, Transaminierungs- und Hydrolyseschritten diese Aminosäure. Cystein und Glycin werden jeweils aus Serin produziert, und zwar die erstere durch Kondensation von Homocystein mit Serin, und die letztere durch Übertragung des Seitenketten- β -Kohlenstoffatoms auf Tetrahydrofolat, in einer durch Serintranshydroxymethylase katalysierten Reaktion. Phenylalanin und Tyrosin werden aus den Vorstufen des Glykolyse- und Pentosephosphatweges, Erythrose-4-phosphat und Phosphoenolpyruvat in einem 9-Schritt-Biosyntheseweg synthetisiert, der sich nur in den letzten beiden Schritten nach der Synthese von Prephenat unterscheidet. Tryptophan wird ebenfalls aus diesen beiden Ausgangsmolekülen produziert, jedoch erfolgt dessen Synthese in einem 11-Schritt-Weg. Tyrosin lässt sich in einer durch Phenylalaninhydroxylase katalysierten Reaktion auch aus Phenylalanin herstellen. Alanin; Valin und Leucin sind jeweils Biosyntheseprodukte aus Pyruvat, dem Endprodukt der Glykolyse. Aspartat wird aus Oxalacetat, einem Zwischenprodukt des Citratzyklus, gebildet. Asparagin, Methionin, Threonin und Lysin werden jeweils durch Umwandlung von Aspartat produziert. Isoleucin wird aus Threonin gebildet. In einem komplexen 9-Schritt-Weg erfolgt die Bildung von Histidin aus 5-Phosphoribosyl-1-pyrophosphat, einem aktivierte Zucker.

Aminosäuren, deren Menge den Proteinbiosynthesebedarf der Zelle übersteigt, können nicht gespeichert werden, und werden stattdessen abgebaut, so daß Zwischenprodukte für die Haupt-Stoffwechselwege der Zelle bereitgestellt werden (für einen Überblick siehe Stryer, L., Biochemistry, 3. Aufl. Kap. 21 "Amino Acid Degradation and the Urea Cycle"; S 495-516 (1988)). Die Zelle ist zwar in der Lage, ungewünschte Aminosäuren in nützliche Stoffwechsel-Zwischenprodukte umzuwandeln, jedoch ist die Aminosäureproduktion hinsichtlich der Energie, der Vorstufenmoleküle und der für ihre Synthese nötigen Enzyme aufwendig. Es überrascht daher nicht, daß die Aminosäure-Biosynthese durch Feedback-Hemmung reguliert wird, wobei das Vorliegen einer bestimmten Aminosäure ihre eigene Produktion verlangsamt oder ganz beendet (für einen Überblick über den Rückkopplungs-Mechanismus bei Aminosäure-Biosynthesewegen, siehe Stryer, L., Biochemistry, 3. Aufl., Kap. 24, "Biosynthesis of Amino Acids and Heme", S. 575-600 (1988)). Der Ausstoß einer bestimmten Aminosäure wird daher durch die Menge dieser Aminosäure in der Zelle eingeschränkt.

II. Vitamine, Carotinoide, Cofaktoren und Nutraceutika-Metabolismus sowie Verwendungen

Vitamine, Carotinoide, Cofaktoren und Nutraceutika umfassen eine weitere Gruppe von Molekülen. Höhere Tiere haben die Fähigkeit verloren, diese zu synthetisieren und müssen sie somit aufnehmen, obwohl sie leicht durch andere Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden. Diese Moleküle sind entweder biologisch aktive Moleküle an sich oder Vorstufen von biologisch aktiven Substanzen, die als Elektronenträger oder Zwischenprodukte bei einer Reihe von Stoffwechselwegen dienen. Diese Verbindungen haben neben ihrem Nährwert auch einen signifikanten industriellen Wert als Farbstoffe, Antioxidantien und Katalysatoren oder andere Verarbeitungs-Hilfsstoffe. (Für einen Überblick über die Struktur, Aktivität und die industriellen Anwendungen dieser Verbindungen siehe bspw. Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins", Bd. A27, S. 443-613, VCH: Weinheim, 1996). Der Begriff "Vitamin" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt Nährstoffe, die von einem Organismus für eine normale Funktion benötigt werden, jedoch nicht von diesem Organismus selbst synthetisiert werden können. Die Gruppe der Vitamine kann Cofaktoren und nutraceutische Verbindungen umfassen. Der Begriff "Cofaktor" umfaßt nicht-proteinartige Verbindungen, die für das Auftreten einer normalen Enzymaktivität nötig sind. Diese Verbindungen können organisch oder anorganisch sein; die erfindungsgemäßen Cofaktor-Moleküle sind vorzugsweise organisch. Der Begriff "Nutraceutikum" umfaßt Nahrungsmittelzusätze, die bei Pflanzen und Tieren, insbesondere dem Menschen, gesundheitsfördernd sind. Beispiele solcher Moleküle sind Vitamine, Antioxidantien und ebenfalls bestimmte Lipide (z.B. mehrfach ungesättigte Fettsäuren).

Bevorzugte Feinchemikalien oder biosynthetische Produkte, die in Pflanzen der Gattung Tagetes, insbesondere in Petalen der Blüten der Pflanzen der Gattung Tagetes hergestellt werden können, sind Carotinoide, wie beispielsweise Phytoen, Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

Besonders bevorzugte Carotinoide sind Ketocarotinoide, wie beispielsweise Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

Die Biosynthese dieser Moleküle in Organismen, die zu ihrer Produktion befähigt sind, wie Bakterien, ist umfassend charakterisiert worden (Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins", Bd. A27, S. 443-613, VCH: Weinheim, 1996, Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley & Sons; Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia and the Society for free Radical Research - Asien, abgehalten

am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press, Champaign, IL X, 374 S.).

Thiamin (Vitamin B₁) wird durch chemisches Kuppeln von Pyrimidin und Thiazol-Einheiten gebildet. Riboflavin (Vitamin B₂) wird aus Guanosin-5'-triphosphat (GTP) und
5 Ribose-5'-phosphat synthetisiert. Riboflavin wiederum wird zur Synthese von Flavin-mononukleotid (FMN) und Flavinadenindinukleotid (FAD) eingesetzt. Die Familie von Verbindungen, die gemeinsam als "Vitamin B6" bezeichnet werden (bspw. Pyridoxin, Pyridoxamin, Pyridoxal-5'-phosphat und das kommerziell verwendete Pyridoxin-hydrochlorid), sind alle Derivate der gemeinsamen Struktureinheit 5-Hydroxy-6-
10 methylpyridin. Panthenat (Pantothenäure, R-(+)-N-(2,4-Dihydroxy-3,3-dimethyl-1-oxobutyl)-β-alanin) kann entweder durch chemische Synthese oder durch Fermentation hergestellt werden. Die letzten Schritte bei der Panthenat-Biosynthese bestehen aus der ATP-getriebenen Kondensation von β-Alanin und Pantoinsäure. Die für die Biosyntheseschritte für die Umwandlung in Pantoinsäure, in β-Alanin und zur Kondensation in
15 Panthenäure verantwortlichen Enzyme sind bekannt. Die metabolisch aktive Form von Panthenat ist Coenzym A, dessen Biosynthese über 5 enzymatische Schritte verläuft. Panthenat, Pyridoxal-5'-phosphat, Cystein und ATP sind die Vorstufen von Coenzym A. Diese Enzyme katalysieren nicht nur die Bildung von Panthenat, sondern auch die Produktion von (R)-Pantoinsäure, (R)-Pantolacton, (R)-Panthenol (Provitamin B₅), Pantethein (und seinen Derivaten) und Coenzym A.
20

Die Biosynthese von Biotin aus dem Vorstufenmolekül Pimeloyl-CoA in Mikroorganismen ist ausführlich untersucht worden, und man hat mehrere der beteiligten Gene identifiziert. Es hat sich herausgestellt, daß viele der entsprechenden Proteine an der
25 Fe-Cluster-Synthese beteiligt sind und zu der Klasse der nifS-Proteine gehören. Die Liponsäure wird von der Octanonsäure abgeleitet und dient als Coenzym beim Energie-Metabolismus, wo sie Bestandteil des Pyruvatdehydrogenasekomplexes und des α-Ketoglutaratdehydrogenasekomplexes wird. Die Folate sind eine Gruppe von Substanzen, die alle von der Folsäure abgeleitet werden, die wiederum von L-
30 Glutaminsäure, p-Aminobenzoësäure und 6-Methylpterin hergeleitet ist. Die Biosynthese der Folsäure und ihrer Derivate, ausgehend von den metabolischen Stoffwechselzwischenprodukten Guanosin-5'-triphosphat (GTP), L-Glutaminsäure und p-Aminobenzoësäure ist in bestimmten Mikroorganismen eingehend untersucht worden.
35 Corrinoide (wie die Cobalamine und insbesondere Vitamin B₁₂) und die Porphyrine gehören zu einer Gruppe von Chemikalien, die sich durch ein Tetrapyrrol-Ringsystem auszeichnen. Die Biosynthese von Vitamin B₁₂ ist hinreichend komplex, daß sie noch nicht vollständig charakterisiert worden ist, jedoch ist inzwischen ein Großteil der beteiligten Enzyme und Substrate bekannt. Nikotinsäure (Nikotinat) und Nikotinamid sind
40 Pyridin-Derivate, die auch als "Niacin" bezeichnet werden. Niacin ist die Vorstufe der

wichtigen Coenzyme NAD (Nikotinamidadenindinukleotid) und NADP (Nikotinamidadenindinukleotidphosphat) und ihrer reduzierten Formen.

Die Produktion dieser Verbindungen im Großmaßstab beruht größtenteils auf zellfreien chemischen Synthesen, obwohl einige dieser Chemikalien ebenfalls durch großangelegte Anzucht von Mikroorganismen produziert worden sind, wie Riboflavin, Vitamin B₆, Pantothenat und Biotin. Nur Vitamin B₁₂ wird aufgrund der Komplexität seiner Synthese lediglich durch Fermentation produziert. In-vitro-Verfahren erfordern einen erheblichen Aufwand an Materialien und Zeit und häufig an hohen Kosten.

10

III. Purin-, Pyrimidin-, Nukleosid- und Nukleotid-Metabolismus und Verwendungen

Gene für den Purin- und Pyrimidin-Stoffwechsel und ihre entsprechenden Proteine sind wichtige Ziele für die Therapie von Tumorerkrankungen und Virusinfektionen. Der Begriff "Purin" oder "Pyrimidin" umfaßt stickstoffhaltige Basen, die Bestandteil der Nukleinsäuren, Coenzyme und Nukleotide sind. Der Begriff "Nukleotid" beinhaltet die grundlegenden Struktureinheiten der Nukleinsäuremoleküle, die eine stickstoffhaltige Base, einen Pentose-Zucker (bei RNA ist der Zucker Ribose, bei DNA ist der Zucker D-Desoxyribose) und Phosphorsäure umfassen. Der Begriff "Nukleosid" umfaßt Moleküle, die als Vorstufen von Nukleotiden dienen, die aber im Gegensatz zu den Nukleotiden keine Phosphorsäureeinheit aufweisen. Durch Hemmen der Biosynthese dieser Moleküle oder ihrer Mobilisation zur Bildung von Nukleinsäuremolekülen ist es möglich, die RNA- und DNA-Synthese zu hemmen; wird diese Aktivität zielgerichtet bei kanzerogenen Zellen gehemmt, läßt sich die Teilungs- und Replikations-Fähigkeit von Tumorzellen hemmen.

Es gibt zudem Nukleotide, die keine Nukleinsäuremoleküle bilden, jedoch als Energiespeicher (d.h. AMP) oder als Coenzyme (d.h. FAD und NAD) dienen.

Mehrere Veröffentlichungen haben die Verwendung dieser Chemikalien für diese medizinischen Indikationen beschrieben, wobei der Purin- und/oder Pyrimidin-Metabolismus beeinflußt wird (bspw. Christopherson, R.I. und Lyons, S.D. (1990) "Potent inhibitors of de novo pyrimidine and purine biosynthesis as chemotherapeutic agents", Med. Res. Reviews 10: 505-548). Untersuchungen an Enzymen, die am Purin- und Pyrimidin-Metabolismus beteiligt sind, haben sich auf die Entwicklung neuer Medikamente konzentriert, die bspw. als Immunsuppressionsmittel oder Antiproliferantien verwendet werden können (Smith, J.L. "Enzymes in Nucleotide Synthesis" Curr. Opin. Struct. Biol. 5 (1995) 752-757; Biochem. Soc. Transact. 23 (1995) 877-902). Die Purin- und Pyrimidinbasen, Nukleoside und Nukleotide haben jedoch auch andere Einsatzmöglichkeiten: als Zwischenprodukte bei der Biosynthese verschiedener Feinchemikalien (z.B. Thiamin, S-Adenosyl-methionin, Folate oder Riboflavin), als

- kalien (z.B. Thiamin, S-Adenosyl-methionin, Folate oder Riboflavin), als Energieträger für die Zelle (bspw. ATP oder GTP) und für Chemikalien selbst, werden gewöhnlich als Geschmacksverstärker verwendet (bspw. IMP oder GMP) oder für viele medizinische Anwendungen (siehe bspw. Kuninaka, A., (1996) "Nucleotides and Related Compounds in Biotechnology Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim, S. 561-612). Enzyme, die am Purin-, Pyrimidin-, Nukleosid- oder Nukleotid-Metabolismus beteiligt sind, dienen auch immer stärker als Ziele, gegen die Chemikalien für den Pflanzenschutz, einschließlich Fungiziden, Herbiziden und Insektiziden entwickelt werden.
- 10 Der Metabolismus dieser Verbindungen in Bakterien ist charakterisiert worden (für Übersichten siehe bspw. Zalkin, H. und Dixon, J.E. (1992) "De novo purin nucleotide biosynthesis" in Progress in Nucleic Acids Research and Molecular biology, Bd. 42, Academic Press, S. 259-287; und Michal, G. (1999) "Nucleotides and Nucleosides"; Kap. 8 in : Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley, New York). Der Purin-Metabolismus, das Objekt intensiver Forschung, ist für das normale Funktionieren der Zelle essentiell. Ein gestörter Purin-Metabolismus in höheren Tieren kann schwere Erkrankungen verursachen, bspw. Gicht. Die Purinnukleotide werden über eine Reihe von Schritten über die Zwischenverbindung Inosin-5'-phosphat (IMP) aus Ribose-5-phosphat synthetisiert, was zur Produktion von Guanosin-5'-monophosphat (GMP) oder Adenosin-5'-monophosphat (AMP) führt, aus denen sich die als Nukleotide verwendeten Triphosphatformen leicht herstellen lassen. Diese Verbindungen werden auch als Energiespeicher verwendet, so daß ihr Abbau Energie für viele verschiedene biochemische Prozesse in der Zelle liefert. Die Pyrimidinbiosynthese erfolgt über die Bildung von Uridin-5'-monophosphat (UMP) aus Ribose-5-phosphat. 25 UMP wiederum wird in Cytidin-5'-triphosphat (CTP) umgewandelt. Die Desoxyformen sämtlicher Nukleotide werden in einer Einschritt-Reduktionsreaktion aus der Diphosphat-Riboseform des Nukleotides zur Diphosphat-Desoxyriboseform des Nukleotides hergestellt. Nach der Phosphorylierung können diese Moleküle an der DNA-Synthese teilnehmen.
- 30
- #### IV. Trehalose-Metabolismus und Verwendungen
- Trehalose besteht aus zwei Glucosemolekülen, die über α,α -1,1-Bindung miteinander verknüpft sind. Sie wird gewöhnlich in der Nahrungsmittelindustrie als Süßstoff, als Additiv für getrocknete oder gefrorene Nahrungsmittel sowie in Getränken verwendet. Sie wird jedoch auch in der pharmazeutischen Industrie, der Kosmetik- und Biotechnologie-Industrie angewendet (s. bspw. Nishimoto et al., (1998) US-Patent Nr. 5 759 610; Singer, M.A. und Lindquist, S. Trends Biotech. 16 (1998) 460-467; Paiva, C.L.A. und Panek, A.D. Biotech Ann. Rev. 2 (1996) 293-314; und Shiosaka, M. J. Japan 172 (1997) 97-102). Trehalose wird durch Enzyme von vielen Mikroorganismen produziert

und auf natürliche Weise in das umgebende Medium abgegeben, aus dem sie durch im Fachgebiet bekannte Verfahren gewonnen werden kann.

5 Besonders bevorzugte biosynthetische Produkte sind ausgewählt aus der Gruppe organische Säuren, Proteine, Nukleotide und Nukleoside, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Lipide und Fettsäuren, Diole, Kohlenhydrate, aromatische Verbindungen, Vitamine und Cofaktoren, Enzyme und Proteine.

10 Bevorzugte organische Säuren sind Weinsäure, Itaconsäure und Diaminopimelinsäure

Bevorzugte Nukleoside und Nukleotide sind beispielsweise beschrieben in Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and related compounds, S. 561-612, in Biotechnology Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten.

15 Bevorzugte biosynthetische Produkte sind weiterhin Lipide, gesättigte und ungesättigte Fettsäuren, wie beispielsweise Arachidonsäure, Diole wie beispielsweise Propandiol und Butandiol, Kohlenhydrate, wie beispielsweise Hyaluronsäure und Trehalose, aromatische Verbindungen, wie beispielsweise aromatische Amine, Vanillin und Indigo, Vitamine und Cofaktoren, wie beispielsweise beschrieben in Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A27, "Vitamins", S. 443-613 (1996) VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten; und Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia and the Society for Free Radical Research - Asien, abgehalten am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press (1995)), Enzyme Polyketide (Cane et al. (1998) Science 282: 63-68), und sämtliche anderen von Gutcho (1983) in Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086 und den darin angegebenen Literaturstellen, beschriebenen Chemikalien.

30 Besonders bevorzugte Gene, die mit den erfindungsgemäßen Promotoren in Pflanzen der Gattung Tagetes exprimiert werden sind demnach Gene, ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus den Biosyntheseweg von proteinogenen und nicht-proteinogenen Aminosäuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Nukleotiden und Nukleosiden, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von organischen Säuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Lipiden und Fettsäuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Diolen, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Kohlenhydraten, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von aromatischen Verbindung, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Vitaminen, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden, insbesondere Ketocarotinoiden,

Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Cofaktoren und Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Enzymen.

- Bevorzugte Feinchemikalien oder biosynthetische Produkte, die in Pflanzen der Gattung Tagetes, insbesondere in Petalen der Blüten der Pflanzen der Gattung Tagetes hergestellt werden können, sind Carotinoide, wie beispielsweise Phytoen, Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.
- 10 Besonders bevorzugte Carotinoide sind Ketocarotinoide, wie beispielsweise Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.
- 15 Ganz besonders bevorzugte Gene, die mit den erfindungsgemäßen Promotoren in Pflanzen der Gattung Tagetes exprimiert werden sind demnach Gene die Proteine aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden kodieren.
- 20 Insbesondere bevorzugt sind Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.
- 30 Unter einer Ketolase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Keto-Gruppe einzuführen.
- 35 Insbesondere wird unter einer Ketolase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Canthaxanthin umzuwandeln.

Beispiele für Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, und die entsprechenden Ketolasen, sind beispielsweise Sequenzen aus

- 5 Haematoccus pluvialis, insbesondere aus Haematoccus pluvialis Flotow em. Wille (Accession NO: X86782; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 15, Protein SEQ ID NO: 16),
- 10 Haematoccus pluvialis, NIES-144 (Accession NO: D45881; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 17, Protein SEQ ID NO: 18),
- 15 Agrobacterium aurantiacum (Accession NO: D58420; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 19, Protein SEQ ID NO: 20),
- 20 Alicaligenes spec. (Accession NO: D58422; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 21, Protein SEQ ID NO: 22),
- 25 Paracoccus marcusii (Accession NO: Y15112; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 23, Protein SEQ ID NO: 24).
- 30 Synechocystis sp. Strain PC6803 (Accession NO: NP442491; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 25, Protein SEQ ID NO: 26).
- 35 Bradyrhizobium sp. (Accession NO: AF218415; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 27, Protein SEQ ID NO: 28).
- 40 Nostoc sp. Strain PCC7120 (Accession NO: AP003592, BAB74888; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 29, Protein SEQ ID NO: 30).
- Haematococcus pluvialis
(Accession NO: AF534876, AAN03484; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 31, Protein : SEQ ID NO: 32)
- Paracoccus sp. MBIC1143
(Accession NO: D58420, P54972; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 33, Protein : SEQ ID NO: 34)
- Brevundimonas aurantiaca
(Accession NO: AY166610, AAN86030; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 35, Protein : SEQ ID NO: 36)
- Nodularia spumigena NSOR10

(Accession NO: AY210783, AAO64399; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 37, Protein : SEQ ID NO: 38)

Nostoc punctiforme ATCC 29133

5 (Accession NO: NZ_AABC01000195, ZP_00111258; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 39, Protein : SEQ ID NO: 40)

Nostoc punctiforme ATCC 29133

(Accession NO: NZ_AABC01000196; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 41, Protein : SEQ ID NO: 42)

Deinococcus radiodurans R1

(Accession NO: E75561, AE001872; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 43, Protein : SEQ ID NO: 44),

15

Synechococcus sp. WH 8102,

Nukleinsäure: Acc.-No. NZ_AABD01000001, Basenpaar 1,354,725-1,355,528 (SEQ ID NO: 75), Protein: Acc.-No. ZP_00115639 (SEQ ID NO: 76) (als putatives Protein annotiert),

20

Unter einer β -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, einen endständigen, linearen Rest von Lycopin in einen β -Ionon-Ring zu überführen.

25

Insbesondere wird unter einer β -Cyclase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, γ -Carotin in β -Carotin umzuwandeln.

Beispiele für β -Cyclase-Gene sind Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase aus Tomate (Accession X86452). (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 45, Protein: SEQ ID NO: 46),

30 sowie β -Cyclasen der folgenden Accession Nummern:

S66350 lycopene beta-cyclase (EC 5.5.1.-) - tomato

CAA60119 lycopene synthase [Capsicum annuum]

S66349 lycopene beta-cyclase (EC 5.5.1.-) - common tobacco

35 CAA57386 lycopene cyclase [Nicotiana tabacum]

AAM21152 lycopene beta-cyclase [Citrus sinensis]

AAD38049 lycopene cyclase [Citrus x paradisi]

AAN86060 lycopene cyclase [Citrus unshiu]

AAF44700 lycopene beta-cyclase [Citrus sinensis]

40 AAK07430 lycopene beta-cyclase [Adonis palaestina]

- AAG10429 beta cyclase [*Tagetes erecta*]
AAA81880 lycopene cyclase
AAB53337 Lycopene beta cyclase
AAL92175 beta-lycopene cyclase [*Sandersonia aurantiaca*]
5 CAA67331 lycopene cyclase [*Narcissus pseudonarcissus*]
AAM45381 beta cyclase [*Tagetes erecta*]
AAQ18661 lycopene beta-cyclase [*Zea mays*]
AAG21133 chromoplast-specific lycopene beta-cyclase [*Lycopersicon esculentum*]
AAF18989 lycopene beta-cyclase [*Daucus carota*]
10 ZP_001140 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus str. MIT9313*]
ZP_001050 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus subsp. pastoris str. CCMP1378*]
ZP_001046 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus subsp. pastoris str. CCMP1378*]
15 ZP_001134 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus str. MIT9313*]
ZP_001150 hypothetical protein [*Synechococcus sp. WH 8102*]
AAF10377 lycopene cyclase [*Deinococcus radiodurans*]
BAA29250 393aa long hypothetical protein [*Pyrococcus horikoshii*]
BAC77673 lycopene beta-monocyclase [marine bacterium P99-3]
20 AAL01999 lycopene cyclase [*Xanthobacter sp. Py2*]
ZP_000190 hypothetical protein [*Chloroflexus aurantiacus*]
ZP_000941 hypothetical protein [*Novosphingobium aromaticivorans*]
AAF78200 lycopene cyclase [*Bradyrhizobium sp. ORS278*]
BAB79602 crtY [*Pantoea agglomerans pv. milletiae*]
25 CAA64855 lycopene cyclase [*Streptomyces griseus*]
AAA21262 dycopene cyclase [*Pantoea agglomerans*]
C37802 crtY protein - *Erwinia uredovora*
BAB79602 crtY [*Pantoea agglomerans pv. milletiae*]
AAA64980 lycopene cyclase [*Pantoea agglomerans*]
30 AAC44851 lycopene cyclase
BAA09593 lycopene cyclase [*Paracoccus sp. MBIC1143*]
ZP_000941 hypothetical protein [*Novosphingobium aromaticivorans*]
CAB56061 lycopene beta-cyclase [*Paracoccus marcusii*]
BAA20275 lycopene cyclase [*Erythrobacter longus*]
35 ZP_000570 hypothetical protein [*Thermobifida fusca*]
ZP_000190 hypothetical protein [*Chloroflexus aurantiacus*]
AAK07430 lycopene beta-cyclase [*Adonis palaestina*]
CAA67331 lycopene cyclase [*Narcissus pseudonarcissus*]
AAB53337 Lycopene beta cyclase
40 BAC77673 lycopene b α -monocyclase [marine bacterium P99-3]

Eine besonders bevorzugte β -Cyclase ist weiterhin die chromoplastenspezifische β -Cyclase aus Tomate (AAG21133) (Nukleinsäure: SEQ. ID. No. 49; Protein: SEQ. ID. No. 50)

5

Unter einer Hydroxylase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Hydroxy-Gruppe einzuführen.

10 Insbesondere wird unter einer Hydroxylase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Zeaxanthin oder Canthaxanthin in Astaxanthin umzuwandeln.

Beispiele für ein Hydroxylase-Gene sind:

15

eine Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase aus Haematococcus pluvialis, Accession AX038729, WO 0061764); (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 49, Protein: SEQ ID NO: 50),

20 sowie Hydroxylasen der folgenden Accession Nummern:

|emb|CAB55626.1, CAA70427.1, CAA70888.1, CAB55625.1, AF499108_1, AF315289_1, AF296158_1, AAC49443.1, NP_194300.1, NP_200070.1, AAG10430.1, CAC06712.1, AAM88619.1, CAC95130.1, AAL80006.1, AF162276_1, AAO53295.1,

25 AAN85601.1, CRTZ_ERWHE, CRTZ_PANAN, BAB79605.1, CRTZ_ALCSP, CRTZ_AGRAU, CAB56060.1, ZP_00094836.1, AAC44852.1, BAC77670.1, NP_745389.1, NP_344225.1, NP_849490.1, ZP_00087019.1, NP_503072.1, NP_852012.1, NP_115929.1, ZP_00013255.1

30 Eine besonders bevorzugte Hydroxylase ist weiterhin die Hydroxylase aus Tomate (Accession Y14810, CrtR-b2) (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 51; Protein: SEQ ID NO. 52).

Unter einer HMG-CoA-Reduktase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, 3-Hydroxy-3-Methyl-Glutaryl-Coenzym-A in Mevalonat umzuwandeln.

35

Unter einer (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat in Isopentenyldiphosphat und Dimethylallyldiphosphate umzuwandeln.

40

Unter einer 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Hydroxyethyl-ThPP und Glycerinaldehyd-3-Phosphat in 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat umzuwandeln.

5 Unter einer 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat in 2-C-methyl-D-erythritol 4-Phosphat umzuwandeln

10 Unter einer Isopentenyl-Diphosphat-Δ- Isomerase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Isopentenyl-Diphosphat in Dimethylallylphosphat umzuwandeln.

15 Unter einer Geranyl-Diphosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Isopentenyl-Diphosphat und Dimethylallylphosphat in Geranyl-Diphosphat umzuwandeln.

20 Unter einer Farnesyl-Diphosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, sequentiell 2 Moleküle Isopentenyl-Diphosphat mit Dimethylallyl-Diphosphat und dem resultierenden Geranyl-Diphosphat in Farnesyl-Diphosphat umzuwandeln

Unter einer Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Farnesyl-Diphosphat und Isopentenyl-Diphosphat in Geranyl-Geranyl-Diphosphat umzuwandeln.

25 Unter einer Phytoen-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Geranyl-Geranyl-Diphosphat in Phytoen umzuwandeln.

30 Unter einer Phytoen-Desaturase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Phytoen in Phytofluen und/oder Phytofluen in ζ-Carotin (Zetacarotin) umzuwandeln.

35 Unter einer Zeta-Carotin-Desaturase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, ζ-Carotin in Neurosporin und/oder Neurosporin in Lycopin umzuwandeln.

Unter einem crtISO-Proteins wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, 7,9,7',9'-tetra-cis-Lycopin in all-trans-Lycopin umzuwandeln.

Unter einem FtsZ-Protein wird ein Protein verstanden, das eine Zellteilungs und Plastidenteilungs-fördernde Wirkung hat und Homologien zu Tubulinproteinen aufweist.

- Unter einem MinD -Protein wird ein Protein verstanden, das eine multifunktionale Rolle bei der Zellteilung aufweist. Es ist eine Membran-assoziierte ATPase und kann innerhalb der Zelle eine oszillierende Bewegung von Pol zu Pol zeigen:

Beispiele für HMG-CoA-Reduktase-Gene sind:

- 10 Eine Nukleinsäure, kodierend eine HMG-CoA-Reduktase aus *Arabidopsis thaliana*, Accession NM_106299; (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 53, Protein: SEQ ID NO: 54), sowie weitere HMG-CoA-Reduktase –Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

15 P54961, P54870, P54868, P54869, O02734, P22791, P54873, P54871, P23228, P13704, P54872, Q01581, P17425, P54874, P54839, P14891, P34135, O64966, P29057, P48019, P48020, P12683, P43256, Q9XEL8, P34136, O64967, P29058, P48022, Q41437, P12684, Q00583, Q9XHL5, Q41438, Q9YAS4, O76819, O28538,

20 Q9Y7D2, P54960, O51628, P48021, Q03163, P00347, P14773, Q12577, Q59468, P04035, O24594, P09610, Q58116, O26662, Q01237, Q01559, Q12649, O74164, O59469, P51639, Q10283, O08424, P20715, P13703, P13702, Q96UG4, Q8SQZ9, O15888, Q9TUM4, P93514, Q39628, P93081, P93080, Q944T9, Q40148, Q84MM0, Q84LS3, Q9Z9N4, Q9KLM0

- 25 Beispiele für (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase aus *Arabidopsis thaliana* (lytB/ISPH), ACCESSION 30 AY168881, (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 55, Protein: SEQ ID NO:56),

sowie weitere (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase –Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

35 T04781, AF270978_1, NP_485028.1, NP_442089.1, NP_681832.1, ZP_00110421.1, ZP_00071594.1, ZP_00114706.1, ISPH_SYN3, ZP_00114087.1, ZP_00104269.1, AF398145_1, AF398146_1, AAD55762.1, AF514843_1, NP_622970.1, NP_348471.1, NP_562001.1, NP_223698.1, NP_781941.1, ZP_00080042.1, NP_859669.1, NP_214191.1, ZP_00086191.1, ISPH_VIBCH, NP_230334.1, NP_742768.1,

40 NP_302306.1, ISPH_MYCLE, NP_602581.1, ZP_00026966.1, NP_520563.1,

NP_253247.1, NP_282047.1, ZP_00038210.1, ZP_00064913.1, CAA61555.1,
ZP_00125365.1, ISPH_ACICA, EAA24703.1, ZP_00013067.1, ZP_00029164.1,
NP_790656.1, NP_217899.1, NP_641592.1, NP_636532.1, NP_719076.1,
NP_660497.1, NP_422155.1, NP_715446.1, ZP_00090692.1, NP_759496.1,
5 ISPH_BURPS, ZP_00129657.1, NP_215626.1, NP_335584.1, ZP_00135016.1,
NP_789585.1, NP_787770.1; NP_769647.1, ZP_00043336.1, NP_242248.1,
ZP_00008555.1, NP_246603.1, ZP_00030951.1, NP_670994.1, NP_404120.1,
NP_540376.1, NP_733653.1, NP_697503.1, NP_840730.1, NP_274828.1,
NP_796916.1, ZP_00123390.1, NP_824386.1, NP_737689.1, ZP_00021222.1,
10 NP_757521.1, NP_390395.1, ZP_00133322.1, CAD76178.1, NP_600249.1,
NP_454660.1, NP_712601.1, NP_385018.1, NP_751989.1

Beispiele für 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase -Gene sind:

15 Eine Nukleinsäure, kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase aus Lyco-
persicon esculentum, ACCESSION #AF143812 (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 57 , Prote-
in: SEQ ID NO: 58),

20 sowie weitere 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase -Gene aus anderen Organis-
men mit den folgenden Accession Nummern:

AF143812_1, DXS_CAPAN, CAD22530.1, AF182286_1, NP_193291.1, T52289,
AAC49368.1, AAP14353.1, D71420, DXS_ORYSA, AF443590_1, BAB02345.1,
CAA09804.2, NP_850620.1, CAD22155.2, AAM65798.1, NP_566686.1, CAD22531.1,
AAC33513.1, CAC08458.1, AAG10432.1, T08140, AAP14354.1, AF428463_1,
25 ZP_00010537.1, NP_769291.1, AAK59424.1, NP_107784.1, NP_697464.1,
NP_540415.1, NP_196699.1, NP_384986.1, ZP_00096461.1, ZP_00013656.1,
NP_353769.1, BAA83576.1, ZP_00005919.1, ZP_00006273.1, NP_420871.1,
AAM48660.1, DXS_RHOCA, ZP_00045608.1, ZP_00031686.1, NP_841218.1,
ZP_00022174.1, ZP_00086851.1, NP_742690.1, NP_520342.1, ZP_00082120.1,
30 NP_790545.1, ZP_00125266.1, CAC17468.1, NP_252733.1, ZP_00092466.1,
NP_439591.1, NP_414954.1, NP_752465.1, NP_622918.1, NP_286162.1,
NP_836085.1, NP_706308.1, ZP_00081148.1, NP_797065.1, NP_213598.1,
NP_245469.1, ZP_00075029.1, NP_455016.1, NP_230536.1, NP_459417.1,
NP_274863.1, NP_283402.1, NP_759318.1, NP_406652.1, DXS_SYNLE,
35 DXS_SYNP7, NP_440409.1, ZP_00067331.1, ZP_00122853.1, NP_717142.1,
ZP_00104889.1, NP_243645.1, NP_681412.1, DXS_SYNEL, NP_637787.1,
DXS_CHLTE, ZP_00129863.1, NP_661241.1, DXS_XANCP, NP_470738.1,
NP_484643.1, ZP_00108360.1, NP_833890.1, NP_846629.1, NP_658213.1,
NP_642879.1, ZP_00039479.1, ZP_00060584.1, ZP_00041364.1, ZP_00117779.1,

NP_299528.1

Beispiele für 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase-Gene sind:

- 5 Eine Nukleinsäure, kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase aus *Arabidopsis thaliana*, ACCESSION #AF148852, (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 59 , Protein: SEQ ID NO: 60),

10 sowie weitere 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase—Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

AF148852, AY084775, AY054682, AY050802, AY045634, AY081453, AY091405, AY098952; AJ242588, AB009053, AY202991, NP_201085.1, T52570, AF331705_1, BAB16915.1, AF367205_1, AF250235_1, CAC03581.1, CAD22156.1, AF182287_1,
15 DXR_MENPI, ZP_00071219.1, NP_488391.1, ZP_00111307.1, DXR_SYNLE, AAP56260.1, NP_681831.1, NP_442113.1, ZP_00115071.1, ZP_00105106.1, ZP_00113484.1, NP_833540.1, NP_657789.1, NP_661031.1, DXR_BACHD, NP_833080.1, NP_845693.1, NP_562610.1, NP_623020.1, NP_810915.1, NP_243287.1, ZP_00118743.1, NP_464842.1, NP_470690.1, ZP_00082201.1,
20 NP_781898.1, ZP_00123667.1, NP_348420.1, NP_604221.1, ZP_00053349.1, ZP_00064941.1, NP_246927.1, NP_389537.1, ZP_00102576.1, NP_519531.1, AF124757_19, DXR_ZYMMO, NP_713472.1, NP_459225.1, NP_454827.1, ZP_00045738.1, NP_743754.1, DXR_PSEPK, ZP_00130352.1, NP_702530.1, NP_841744.1, NP_438967.1, AF514841_1, NP_706118.1, ZP_00125845.1,
25 NP_404661.1, NP_285867.1, NP_240064.1, NP_414715.1, ZP_00094058.1, NP_791365.1, ZP_00012448.1, ZP_00015132.1, ZP_00091545.1, NP_629822.1, NP_771495.1, NP_798691.1, NP_231885.1, NP_252340.1, ZP_00022353.1, NP_355549.1, NP_420724.1, ZP_00085169.1, EAA17616.1, NP_273242.1, NP_219574.1, NP_387094.1, NP_296721.1, ZP_00004209.1, NP_823739.1,
30 NP_282934.1, BAA77848.1; NP_660577.1, NP_760741.1, NP_641750.1, NP_636741.1, NP_829309.1, NP_298338.1, NP_444964.1, NP_717246.1, NP_224545.1, ZP_00038451.1, DXR_KITGR, NP_778563.1.

Beispiele für Isopentenyl-Diphosphat-Δ-Isomerase-Gene sind:

35

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat-Δ-Isomerase aus *Adonis palaestina* clone ApiPI28, (ipiAa1), ACCESSION #AF188060, veröffentlicht durch Cunningham,F.X. Jr. and Gantt,E.: Identification of multi-gene families encoding isopentenyl diphosphate isomerase in plants by heterologous complementation in *Escherichia coli*, Plant Cell Physiol. 41 (1), 119-123 (2000) (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 61; Protein:
40

SEQ ID NO: 62),

sowie weitere Isopentenyl-Diphosphat-Δ-Isomerase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

5

Q38929, O48964, Q39472, Q13907, O35586, P58044, O42641, O35760, Q10132, P15496, Q9YB30, Q8YNH4, Q42553, O27997, P50740, O51627, O48965, Q8KFR5, Q39471, Q39664, Q9RVE2, Q01335, Q9HHE4, Q9BXS1, Q9KWF6, Q9CIF5, Q88WB6, Q92BX2, Q8Y7A5, Q8TT35, Q9KK75, Q8NN99, Q8XD58, Q8FE75,

10 Q46822, Q9HP40, P72002, P26173, Q9Z5D3, Q8Z3X9, Q8ZM82, Q9X7Q6, O13504, Q9HFW8, Q8Njl9, Q9UUQ1, Q9NH02, Q9M6K9, Q9M6K5, Q9FXR6, O81691, Q9S7C4, Q8S3L8, Q9M592, Q9M6K3, Q9M6K7, Q9FV48, Q9LLB6, Q9AVJ1, Q9AVG8, Q9M6K6, Q9AVJ5, Q9M6K2, Q9AYS5, Q9M6K8, Q9AVG7, Q8S3L7, Q8W250, Q94IE1, Q9AVI8, Q9AYS6, Q9SAY0, Q9M6K4, Q8GVZ0, Q84RZ8,

15 Q8KZ12, Q8KZ66, Q8FND7, Q88QC9, Q8BFZ6, BAC26382, CAD94476.

Beispiele für Geranyl-Diphosphat-Synthase -Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase aus *Arabidopsis thaliana*, ACCESSION #Y17376, Bouvier,F., Suire,C., d'Harlingue,A., Backhaus,R.A. and Camara,B.; Molecular cloning of geranyl diphosphate synthase and compartmentation of monoterpene synthesis in plant cells, Plant J. 24 (2), 241-252 (2000) (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 63, Protein: SEQ ID NO: 64),

25 sowie weitere Geranyl-Diphosphat-Synthase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

Q9FT89, Q8LKJ2, Q9FSW8, Q8LKJ3, Q9SBR3, Q9SBR4, Q9FET8, Q8LKJ1, Q84LG1, Q9JK86

30

Beispiele für Farnesyl-Diphosphat-Synthase-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase aus *Arabidopsis thaliana* (FPS1), ACCESSION #U80605, veröffentlicht durch Cunillera,N., Arro,M., Delourme,D., Karst,F., Boronat,A. und Ferrer,A.: *Arabidopsis thaliana* contains two differentially expressed farnesyl-diphosphate synthase genes, J. Biol. Chem. 271 (13), 7774-7780 (1996), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 65, Protein: SEQ ID NO:66),

sowie weitere Farnesyl-Diphosphat-Synthase–Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

P53799, P37268, Q02769, Q09152, P49351, O24241, Q43315, P49352, O24242,

- 5 P49350, P08836, P14324, P49349, P08524, O66952, Q08291, P54383, Q45220,
P57537, Q8K9A0, P22939, P45204, O66126, P55539, Q9SWH9, Q9AVI7, Q9FRX2,
Q9AYS7, Q94IE8, Q9FXR9, Q9ZWF6, Q9FXR8, Q9AR37, O50009, Q94IE9, Q8RVK7,
Q8RVQ7, O04882, Q93RA8, Q93RB0, Q93RB4, Q93RB5, Q93RB3, Q93RB1,
Q93RB2, Q920E5.

10

Beispiele für Geranyl-geranyl-Diphosphat-Synthase -Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Geranyl-geranyl-Diphosphat-Synthase aus Sinaps alba, ACCESSION #X98795, veröffentlicht durch Bonk,M., Hoffmann,B., Von Lintig,J.,

- 15 Schledz,M., Al-Babili,S., Hobeika,E., Kleinig,H. and Beyer,P.: Chloroplast import of four carotenoid biosynthetic enzymes in vitro reveals differential fates prior to membrane binding and oligomeric assembly, Eur. J. Biochem. 247 (3), 942-950 (1997), (Nuklein-säure: SEQ ID NO: 67, Protein: SEQ ID NO: 68),

- 20 sowie weitere Geranyl-geranyl-Diphosphat-Synthase–Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

P22873, P34802 ,P56966, P80042, Q42698, Q92236, O95749, Q9WTN0, Q50727,
P24322, P39464, Q9FXR3, Q9AYN2, Q9FXR2, Q9AVG6, Q9FRW4, Q9SXZ5,

- 25 Q9AVJ7, Q9AYN1, Q9AVJ4, Q9FXR7, Q8LSC5, Q9AVJ6, Q8LSC4, Q9AVJ3,
Q9SSU0, Q9SXZ6, Q9SST9, Q9AVJ0, Q9AVI9, Q9FRW3, Q9FXR5, Q94IF0,
Q9FRX1, Q9K567, Q93RA9, Q93QX8, CAD95619, EAA31459

Beispiele für Phytoen-Synthase-Gene sind:

30

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Phytoen-Synthase aus Erwinia uredovora, ACCESSION # D90087; veröffentlicht durch Misawa,N., Nakagawa,M., Kobayashi,K., Yama-no,S., Izawa,Y., Nakamura,K. und Harashima,K.: Elucidation of the Erwinia uredovora carotenoid biosynthetic pathway by functional analysis of gene products expressed in
35 Escherichia coli; J. Bacteriol. 172 (12), 6704-6712 (1990), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 69, Protein: SEQ ID NO: 70),

sowie weitere Phytoen-Synthase –Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

40

CAB39693, BAC69364, AAF10440, CAA45350, BAA20384, AAM72615, BAC09112,
CAA48922, P_001091, CAB84588, AAF41518, CAA48155, AAD38051, AAF33237,
AAG10427, AAA34187, BAB73532, CAC19567, AAM62787, CAA55391, AAB65697,
AAM45379, CAC27383, AAA32836, AAK07735, BAA84763, P_000205, AAB60314,
5 P_001163, P_000718, AAB71428, AAA34153, AAK07734, CAA42969, CAD76176,
CAA68575, P_000130, P_001142, CAA47625, CAA85775, BAC14416, CAA79957,
BAC76563, P_000242, P_000551, AAL02001, AAK15621, CAB94795, AAA91951,
P_000448

10 Beispiele für Phytoen-Desaturase-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Phytoen-Desaturase aus *Erwinia uredovora*, ACCESSION # D90087; veröffentlicht durch Misawa,N., Nakagawa,M., Kobayashi,K., Yamano,S., Izawa,Y., Nakamura,K. und Harashima,K.: Elucidation of the *Erwinia uredovora* carotenoid biosynthetic pathway by functional analysis of gene products expressed in *Escherichia coli*; J. Bacteriol. 172 (12), 6704-6712 (1990), (Nukleinsäure; SEQ ID NO: 71, Protein: SEQ ID NO: 72),
15

sowie weitere Phytoen-Desaturase -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden
20 Accession Nummern:

AAL15300, A39597, CAA42573, AAK51545, BAB08179, CAA48195, BAB82461,
AAK92625, CAA55392, AAG10426, AAD02489, AAO24235, AAC12846, AAA99519,
AAL38046, CAA60479, CAA75094, ZP_001041, ZP_001163, CAA39004, CAA44452,
25 ZP_001142, ZP_000718, BAB82462, AAM45380, CAB56040, ZP_001091, BAC09113,
AAP79175, AAL80005, AAM72642, AAM72043, ZP_000745, ZP_001141, BAC07889,
CAD55814, ZP_001041, CAD27442, CAE00192, ZP_001163, ZP_000197, BAA18400,
AAG10425, ZP_001119, AAF13698, 2121278A, AAB35386, AAD02462, BAB68552,
CAC85667, AAK51557, CAA12062, AAG51402, AAM63349, AAF85796, BAB74081,
30 AAA91161, CAB56041, AAC48983, AAG14399, CAB65434, BAB73487, ZP_001117,
ZP_000448, CAB39695, CAD76175, BAC69363, BAA17934, ZP_000171, AAF65586,
ZP_000748, BAC07074, ZP_001133, CAA64853, BAB74484, ZP_001156, AAF23289,
AAG28703, AAP09348, AAM71569, BAB69140, ZP_000130, AAF41516, AAG18866,
CAD95940, NP_656310, AAG10645, ZP_000276, ZP_000192, ZP_000186,
35 AAM94364, EAA31371, ZP_000612, BAC75676, AAF65582

Beispiele für Zeta-Carotin-Desaturase-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase aus *Narcissus pseudonarcissus*, ACCESSION #AJ224683, veröffentlicht durch Al-Babili,S., Oelschlegel,J. and

Beyer,P.: A cDNA encoding for beta carotene desaturase (Accession No.AJ224683) from Narcissus pseudonarcissus L.. (PGR98-103), Plant Physiol. 117, 719-719 (1998), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 73, Protein: SEQ ID NO: 74),

- 5 sowie weitere Zeta-Carotin-Desaturase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

Q9R6X4, Q38893, Q9SMJ3, Q9SE20, Q9ZTP4, O49901, P74306, Q9FV46, Q9RCT2, ZDS_NARPS, BAB68552.1, CAC85667.1, AF372617_1, ZDS_TARER, CAD55814.1, 10 CAD27442.1, 2121278A, ZDS_CAPAN, ZDS_LYCES, NP_187138.1, AAM63349.1, ZDS_ARATH, AAA91161.1, ZDS_MAIZE, AAG14399.1, NP_441720.1, NP_486422.1, ZP_00111920.1, CAB56041.1, ZP_00074512.1, ZP_00116357.1, NP_681127.1, ZP_00114185.1, ZP_00104126.1, CAB65434.1, NP_662300.1

- 15 Beispiele für crtISO-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine crtISO aus Lycopersicon esculentum; ACCESSION #AF416727, veröffentlicht durch Isaacson,T., Ronen,G., Zamir,D. and Hirschberg,J.: Cloning of tangerine from tomato reveals a carotenoid isomerase essential for the production of beta-carotene and xanthophylls in plants; Plant Cell 14 (2), 333-342 (2002), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 75, Protein: SEQ ID NO: 76),

sowie weitere crtISO -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

- 25 AAM53952

Beispiele für FtsZ-Gene sind:

- 30 Eine Nukleinsäure, kodierend eine FtsZ aus Tagetes erecta, ACCESSION #AF251346, veröffentlicht durch Moehs,C.P., Tian,L., Osteryoung,K.W. and Dellapenna,D.: Analysis of carotenoid biosynthetic gene expression during marigold petal development Plant Mol. Biol. 45 (3), 281-293 (2001), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 77, Protein: SEQ ID NO: 78),

- 35 sowie weitere FtsZ -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

- 40 CAB89286.1, AF205858_1, NP_200339.1, CAB89287.1, CAB41987.1, AAA82068.1, T06774,AF383876_1, BAC57986.1, CAD22047.1, BAB91150.1, ZP_00072546.1,

NP_440816.1, T51092, NP_683172.1, BAA85116.1, NP_487898.1, JC4289,
BAA82871.1, NP_781763.1, BAC57987.1, ZP_00111461.1, T51088, NP_190843.1,
ZP_00060035.1, NP_846285.1, AAL07180.1, NP_243424.1, NP_833626.1,
AAN04561.1, AAN04557.1, CAD22048.1, T51089, NP_692394.1, NP_623237.1,
5 NP_565839.1, T51090, CAA07676.1, NP_113397.1, T51087, CAC44257.1, E84778,
ZP_00105267.1, BAA82091.1, ZP_00112790.1, BAA96782.1, NP_348319.1,
NP_471472.1, ZP_00115870.1, NP_465556.1, NP_389412.1, BAA82090.1,
NP_562681.1, AAM22891.1, NP_371710.1, NP_764416.1, CAB95028.1,
FTSZ_STRGR, AF120117_1, NP_827300.1, JE0282, NP_626341.1, AAC45639.1,
10 NP_785689.1, NP_336679.1, NP_738660.1, ZP_00057764.1, AAC32265.1;
NP_814733.1, FTSZ_MYCKA, NP_216666.1, CAA75616.1, NP_301700.1,
NP_601357.1, ZP_00046269.1, CAA70158.1, ZP_00037834.1, NP_268026.1,
FTSZ_ENTHR, NP_787643.1, NP_346105.1, AAC32264.1, JC5548, AAC95440.1,
NP_710793.1, NP_687509.1, NP_269594.1, AAC32266.1, NP_720988.1,
15 NP_657875.1, ZP_00094865.1, ZP_00080499.1, ZP_00043589.1, JC7087,
NP_660559.1, AAC46069.1, AF179611_14, AAC44223.1, NP_404201.1.

Beispiele für MinD -Gene sind:

20 Eine Nukleinsäure, kodierend eine MinD aus Tagetes erecta, ACCESSION
#AF251019, veröffentlicht durch Moehs,C.P., Tian,L., Osteryoung,K.W. und Dellapenna,D.: Analysis of carotenoid biosynthetic gene expression during marigold petal development; Plant Mol. Biol. 45 (3), 281-293 (2001), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 79, Protein: SEQ ID NO: 80),
25

sowie weitere MinD –Gene mit den folgenden Accession Nummern:

NP_197790.1, BAA90628.1, NP_038435.1, NP_045875.1, AAN33031.1,
NP_050910.1, CAB53105.1, NP_050687.1, NP_682807.1, NP_487496.1,
30 ZP_00111708.1, ZP_00071109.1, NP_442592.1, NP_603083.1, NP_782631.1,
ZP_00097367.1, ZP_00104319.1, NP_294476.1, NP_622555.1, NP_563054.1,
NP_347881.1, ZP_00113908.1, NP_834154.1, NP_658480.1, ZP_00059858.1,
NP_470915.1, NP_243893.1, NP_465069.1, ZP_00116155.1, NP_390677.1,
NP_692970.1, NP_298610.1, NP_207129.1, ZP_00038874.1, NP_778791.1,
35 NP_223033.1, NP_641561.1, NP_636499.1, ZP_00088714.1, NP_213595.1,
NP_743889.1, NP_231594.1, ZP_00085067.1, NP_797252.1, ZP_00136593.1,
NP_251934.1, NP_405629.1, NP_759144.1, ZP_00102939.1, NP_793645.1,
NP_699517.1, NP_460771.1, NP_860754.1, NP_456322.1, NP_718163.1,
NP_229666.1, NP_357356.1, NP_541904.1, NP_287414.1, NP_660660.1,
40 ZP_00128273.1, NP_103411.1, NP_785789.1, NP_715361.1, AF149810_1,

NP_841854.1, NP_437893.1, ZP_00022726.1, EAA24844.1, ZP_00029547.1,
NP_521484.1, NP_240148.1, NP_770852.1, AF345908_2, NP_777923.1,
ZP_00048879.1, NP_579340.1, NP_143455.1, NP_126254.1, NP_142573.1,
NP_613505.1, NP_127112.1, NP_712786.1, NP_578214.1, NP_069530.1,
5 NP_247526.1, AAA85593.1, NP_212403.1, NP_782258.1, ZP_00058694.1,
NP_247137.1, NP_219149.1, NP_276946.1, NP_614522.1, ZP_00019288.1,
CAD78330.1

Die Erfindung betrifft ferner eine genetisch veränderte Pflanze der Gattung Tagetes,
10 wobei die genetische Veränderung zu einer Erhöhung oder Verursachung der Expressionsrate mindestens eines Gens im Vergleich zum Wildtyp führt und bedingt ist durch die Regulation der Expression dieses Gens in der Pflanze durch die erfindungsgemäßigen Promotoren.

15 Wie vorstehend erwähnt, wird unter „Expressionsaktivität“ erfindungsgemäß die in einer bestimmten Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein, also die Expressionsrate verstanden.

Unter „spezifischer Expressionsaktivität“ wird erfindungsgemäß die in einer bestimmten
20 Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein pro Promotor verstanden.

Bei einer „verursachten Expressionsaktivität“ oder „verursachten Expressionsrate“ im Bezug auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp die Bildung eines Proteins verursacht, das im Wildtyp der Pflanze der Gattung Tagetes
25 nicht vorhanden war.

Beispielsweise weisen Wildtyp-Pflanzen der Gattung Tagetes kein Ketolase-Gen auf. Die Regulation der Expression des Ketolase-Gens in der Pflanze durch die erfindungsgemäßigen Promotoren führt somit zu einer Verursachung der Expressionsrate.

30 Bei einer „erhöhten Expressionsaktivität“ oder „erhöhten Expressionsrate“ im Bezug auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp der Pflanze der Gattung Tagetes in einer bestimmten Zeit die gebildete Menge des Proteins erhöht.

35 Beispielsweise weisen Wildtyp-Pflanzen der Gattung Tagetes ein Hydroxylase-Gen auf. Die Regulation der Expression des Hydroxylase-Gens in der Pflanze durch die erfindungsgemäßigen Promotoren führt somit zu einer Erhöhung der Expressionsrate.

In einer bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßigen genetisch veränderten
40 Pflanzen der Gattung Tagetes wird die Regulation der Expression von Genen in der

Pflanze durch die erfindungsgemäßen Promotoren dadurch erreicht, dass man

5 a) einen oder mehrere erfindungsgemäße Promotoren in das Genom der Pflanze ein-bringt, so dass die Expression eines oder mehrerer endogenen Gene unter der Kon-trolle der eingebrachten erfindungsgemäßen Promotoren erfolgt oder

b) ein oder mehrere Gene in das Genom der Pflanze einbringt, so dass die Expression eines oder mehrerer der eingebrachten Gene unter der Kontrolle der endogenen, erfin-dungsgemäßen Promotoren erfolgt oder

10 c) ein oder mehrere Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend mindestens einen erfindungs-gemäßen Promotor und funktionell verknüpft eine oder mehrere zu exprimierende Ge-ne in die Pflanze einbringt.

15 In einer bevorzugten Ausführungsform bringt man gemäß Merkmal c) ein oder mehrere Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend mindestens einen erfindungsgemäßen Promotor und funktionell verknüpft eine oder mehrere zu exprimierende Gene, in die Pflanze ein. Die Integration der Nukleinsäurekonstrukte in der Pflanze der Gattung Tagetes kann dabei intrachromosomal oder extrachromosomal erfolgen.

20 Bevorzugte erfindungsgemäße Promotoren und bevorzugte zu exprimierende Gene (Effektgene) sind vorstehend beschrieben.

25 Im folgenden wird exemplarisch die Herstellung der genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes mit erhöhter oder verursachter Expressionsrate eines Effektgens beschrieben.

Die Transformation kann bei den Kombinationen von genetischen Veränderungen ein-zeln oder durch Mehrfachkonstrukte erfolgen.

30 Die Herstellung der transgenen Pflanzen erfolgt vorzugsweise durch Transformation der Ausgangspflanzen, mit einem Nukleinsäurekonstrukt, das mindestens einen der vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen Promotoren enthält, die mit einem zu exprimierenden Effektgen und gegebenenfalls weiteren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind.

35 Diese Nukleinsäurekonstrukte, in denen die erfindungsgemäßen Promotoren und Ef-fektgene funktionell verknüpft sind, werden im folgenden auch Expressionskassetten genannt.

- Die Expressionskassetten können weitere Regulationssignale enthalten, also regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der Effektgene in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfasst eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, mindestens einen erfindungsgemäßen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungs-signal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwi-schenliegenden kodierenden Sequenz des Effektgens für mindestens eines der vor-stehend beschriebenen Gene operativ verknüpft sind.
- 5 Unter einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, das jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.
- 10 Im folgenden werden beispielhaft die bevorzugten Nukleinsäurekonstrukte, Expressionskassetten und Vektoren für Pflanzen und Verfahren zur Herstellung von transgenen Pflanzen, sowie die transgenen Pflanzen der Gattung Tagetes selbst beschrieben.
- 15 Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten, aber nicht darauf beschränkten Sequen-zien, sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER), im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärkern wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987), 8693 -8711).
- 20 25 Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt vorzugsweise durch Fusion mindes-tens eines erfindungsgemäßen Promoters mit mindestens einem Gen, vorzugsweise mit einem der vorstehend beschriebenen Effektgene, und vorzugsweise einer zwischen Promotor und Nukleinsäure-Sequenz inserierten Nukleinsäure, die für ein plastiden-spezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängi-gen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory,
- 30 35 Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience (1987), beschrieben sind.

Die vorzugsweise insertierte Nukleinsäuren, kodierend ein plastidäres Transitpeptid, gewährleisten die Lokalisation in Plastiden und insbesondere in Chromoplasten.

Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren Nukleinsäure-

5 Sequenz für ein Effektgen-Produkt-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chromoplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Translokation der Effektgene in die Chromoplasten vom Effektgenprodukt-Teil enzymatisch abgespalten werden.

10

Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären *Nicotiana tabacum* Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco (*rbcS*) oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2 oder dessen funktionellem Äquivalent abgeleitet ist.

Besonders bevorzugt sind Nukleinsäure-Sequenzen von drei Kassetten des Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als KpnI/BamHI Fragmente mit einem ATG-Codon in der Ncol Schnittstelle:

20

pTP09

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCCTTCTCAACTTTCCCTTCTTCTCT-

25

CACTTTTCCGGCCTAAATCCAATCCCAATATCACCCACCTCCGCCGCG-
TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCGTAAGGTCACCGGC-
GATTCTGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTAGAGACTGCGGG-
GATCC_BamHI

30

pTP10

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCCTTCTCAACTTTCCCTTCTTCTCT-

35

CACTTTTCCGGCCTAAATCCAATCCCAATATCACCCACCTCCGCCGCG-
TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCGTAAGGTCACCGGC-
GATTCTGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTAGAGACTGCGCTG-
GATCC_BamHI

pTP11

40

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCT
GTTCTGCCCTGCCATGGCTCTGCCTCTTCTCAACTTCCCCTCTCT-
CACTTTCCGGCCTAAATCCAATCCAATATCACCAACCTCCGCCGCCG-
TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCGTCGTAAGGTACCCGGC-

- 5 GATTCTGTGCCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAATGAGACTGCAGG-
GATCC_BamHI

Weitere Beispiele für ein plastidäres Transitpeptid sind das Transitpeptid der plastidären Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) aus *Arabisopsis thaliana* und das
10 Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Ribulosebisphosphat Carboxylase (rbcS) aus Erbse (Guerineau, F, Woolston, S, Brooks, L, Mullineaux, P (1988) An expression cassette for targeting foreign proteins into the chloroplasts. *Nucl. Acids Res.* 16: 11380).

15 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren können synthetisch hergestellt oder natürlich gewonnen sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen Nukleinsäure-Bestandteilen enthalten, sowie aus verschiedenen heterologen Genabschnitten verschiedener Organismen bestehen.

20 Bevorzugt sind, wie vorstehend beschrieben, synthetische Nukleotid-Sequenzen mit Kodons, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzenspezies exprimiert werden.

25 Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente manipuliert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die Verbindung der DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adapto

30 renen oder Linker angesetzt werden.
Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Polylinker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger
35 als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die Expressionskassette beinhaltet vorzugsweise in der 5'-3'-Transkriptionsrichtung den Promotor, eine kodierende Nukleinsäuresequenz oder ein Nukleinsäurekonstrukt und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche

sind gegeneinander beliebig austauschbar.

Beispiele für einen Terminator sind der 35S-Terminator (Guerineau et al. (1988) Nucl Acids Res. 16: 11380), der nos Terminator (Depicker A, Stachel S; Dhaese P,

- 5 Zambryski P, Goodman HM. Nopaline synthase: transcript mapping and DNA sequence. J Mol Appl Genet. 1982;1(6):561-73) oder der ocs Terminator (Gielen, J, de Buckeleer, M, Seurinck, J, Debroek, H, de Greve, H, Lemmers, M, van Montagu, M, Schell, J (1984) The complete sequence of the TL-DNA of the Agrobacterium tumefaciens plasmid pTiAch5. EMBO J. 3: 835-846).

10

Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können *in vitro*-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden.

Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.

20

Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus Agrobacterium tumefaciens, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-Plasmids pTiACH5 entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.

Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet.

30

Dazu können an sich bekannte Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzengeweben oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt werden.

Geeignete Methoden zur Transformation von Pflanzen sind die Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren

35 mit der Genkanone – die sogenannte "particle bombardment" Methode, die Elektroporation, die Inkubation trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der, vorstehend beschriebene, durch *Agrobacterium* vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von

40

S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143 sowie in Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225) beschrieben.

Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, *Agrobacterium tumefaciens* zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984), 8711) oder besonders bevorzugt pSUN2, pSUN3, pSUN4 oder pSUN5 (WO 02/00900).

Mit einem Expressionsplasmid transformierte Agrobakterien können in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

Zur bevorzugten Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, wird die fusionierte Expressionskassette in einen Vektor, beispielsweise pBin19 oder insbesondere pSUN5 und pSUN3 kloniert, der geeignet ist, in *Agrobacterium tumefaciens* transformiert zu werden. Mit einem solchen Vektor transformierte Agrobakterien können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen verwendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw. Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein oder mehrere in die Expressionskassette integrierte Gene enthalten.

Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einem oder mehreren erfindungsgemäßen Effektgenen wird eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" (CRC Press), Kap. 6/7, S. 71-119 (1993) beschrieben.

Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in *E. coli*, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. pJIT117 (Guerineau et al. (1988) Nucl. Acids Res. 16 :11380), pBR332, pUC-Serien,

M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in *E. coli* als auch in Agrobakterien replizieren können.

Die Erfindung betrifft daher weiterhin eine genetisch veränderte Pflanze der Gattung Tagetes, enthaltend einen erfindungsgemäßen Promotor und funktionell verknüpft ein zu eprimierendes Gen, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.

10 Bevorzugte erfindungsgemäße Promotoren und bevorzugte Effektgene sind vorstehend beschrieben.

Insbesondere bevorzugt sind Effektgene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.

30 Bevorzugte, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes sind Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Tagetes lucida, Tagetes pringlei, Tagetes palmeri, Tagetes minuta oder Tagetes campanulata.

Durch die erfindungsgemäßen Promotoren ist es mit Hilfe der vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen Verfahren möglich, in den vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes die Stoffwechselwege zu spezifischen biosynthetischen Produkten zu regulieren.

40 Dazu werden beispielsweise Stoffwechselwege, die zu einem spezifischen biosynthetischen Produkt führen, durch Verursachung oder Erhöhung der Transkriptionrate bzw. Expressionsrate von Genen dieses Biosyntheseweges verstärkt, indem die erhöhte

Proteinmenge zu einer erhöhten Gesamtaktivität dieser Proteine des gewünschten Biosyntheseweges und damit durch einem verstärkten Stoffwechselfluß zu dem gewünschten biosynthetischen Produkt führt.

- 5 Je nach gewünschtem biosynthetischen Produkt muss die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate verschiedener Gene erhöht bzw. reduziert werden. In der Regel ist es vorteilhaft, die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate mehrere Gene zu verändern, d.h. die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate einer Kombination von Gene zu erhöhen und/oder die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate einer Kombination von
10 Gene zu reduzieren.

In den erfindungsgemäßigen genetisch veränderten Pflanzen ist mindestens eine erhöhte oder verursachte Expressionsrate eines Gens auf einen erfindungsgemäßigen Promotor zurückzuführen.

- 15 Weitere, zusätzliche veränderte, d.h. zusätzlich erhöhte oder zusätzlich reduzierte Expressionsraten von weiteren Genen in genetisch veränderten Pflanzen können, müssen aber nicht auf die erfindungsgemäßigen Promotoren zurück gehen.
20 Die Erfindung betrifft daher ein Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten durch Kultivierung von erfindungsgemäßigen, genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes.

Die Erfindung betrifft insbesondere ein Verfahren zur Herstellung von Carotinoiden
25 durch Kultivierung von erfindungsgemäßigen genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β-Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β-Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ε-Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat-Δ-Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein

FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.

Die Carotinoide sind vorzugsweise ausgewählt aus der Gruppe Phytoen, Phytofluen, Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-

5 Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

Insbesondere betrifft die Erfindung weiterhin ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von erfindungsgemäß genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene

- 10 ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase,
- 15 Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktosomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase,
- 20 Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.
- 25 Die Ketocarotinoide sind vorzugsweise ausgewählt aus der Gruppe Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

Im erfindungsgemäß Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten,

- 30 insbesondere Carotinoiden, vorzugsweise Ketocarotinoiden, wird vorzugsweise dem Kultivierungsschritt der genetisch veränderten Pflanzen ein Ernten der Pflanzen und ein Isolieren der biosynthetischen Produkte, insbesondere Carotinoide, vorzugsweise Ketocarotinoide aus den Pflanzen, vorzugsweise aus den Petalen der Pflanzen, ange- schlossen.

35 Die genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes werden in an sich bekannter Weise auf Nährböden gezogen und entsprechend geerntet.

40 Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den geernteten Blütenblättern erfolgt bei- spielsweise in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Trocknung und an-

schließender Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemischer oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie. Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den Blütenblättern erfolgt beispielsweise bevorzugt durch organische Lösungsmittel wie Aceton, Hexan, Heptan, Ether oder tert.-Methylbutylether.

5 Weitere Isolierverfahren von Ketocarotinoiden, insbesondere aus Blütenblättern, sind beispielsweise in Egger und Kleinig (Phytochemistry (1967) 6, 437-440) und Egger 10 (Phytochemistry (1965) 4, 609-618) beschrieben.

Ein besonders bevorzugtes Ketocarotinoid ist Astaxanthin.

15 Die Ketocarotinoide fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Blütenblättern in Form ihrer Mono- oder Diester mit Fettsäuren an. Einige nachgewiesene Fettsäuren sind z.B. Myristinsäure, Palmitinsäure, Stearinsäure, Ölsäure, Linolensäure, und Laurinsäure (Kamata und Simpson (1987) Comp. Biochem. Physiol. Vol. 86B(3), 587-591).

20 Von Menschen und Tieren verzehrbare erfindungsgemäße, genetisch veränderte Pflanzen oder Pflanzenteile, wie insbesondere Blütenblätter mit erhöhtem Gehalt an biosynthetischen Produkten, insbesondere Carotinoide, insbesondere Ketocarotinoide, insbesondere Astaxanthin, können auch beispielsweise direkt oder nach an sich bekannter Prozessierung als Nahrungsmittel oder Futtermittel oder als Futter- und Nahrungsergänzungsmittel verwendet werden.

25 Ferner können die genetisch veränderten Pflanzen zur Herstellung von biosynthetischen Produkt-, insbesondere Carotinoid-, insbesondere Ketocarotinoid-, insbesondere Astaxanthin-haltigen Extrakten und/oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln sowie von Kosmetika und Pharmazeutika verwendet werden.

30 Die genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes weisen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an dem gewünschten biosynthetischen Produkten, insbesondere Carotinoide, insbesondere Ketocarotinoide, insbesondere Astaxanthin auf.

35 Unter einem erhöhten Gehalt wird in diesem Fall auch ein verursachter Gehalt an Ketocarotinoiden, bzw. Astaxanthin verstanden.

Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

Allgemeine Experimentelle Bedingungen:

Sequenzanalyse rekombinanter DNA

Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-
5 DNA-Sequenzer der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der
Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463-5467).

Beispiel 1:

Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NOST-Ketolase aus
10 *Nostoc sp. PCC 7120* kodiert

Die DNA, die für die NOST-Ketolase aus *Nostoc sp. PCC 7120* kodiert, wurde mittels
PCR aus *Nostoc sp. PCC 7120* (Stamm der "Pasteur Culture Collection of Cyanobac-
terium") amplifiziert.

15 Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc sp.*
PCC 7120, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in
BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·H₂O, 0.036
g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l ED-
20 TA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml trace metal mix A5+Co (2.86 g/l
H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l NaMoO₄·2H₂O, 0.079
g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O)) gewachsen war, wurden die Zellen
durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulve-
risiert.

25 Protokoll für DNA Isolation aus *Nostoc PCC7120*:

Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10minütige Zentrifuga-
tion bei 8 000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem
30 Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml
10mM Tris HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf Reaktionsgefäß (2ml Vo-
lumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml)
wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die
Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000
35 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf Reaktionsgefäß
überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zu-
gabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol ge-
fällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raum-
temperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C

gelöst.

- Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc PCC 7120*, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc sp. PCC 7120* unter Verwendung eines
5 sense-spezifischen Primers (NOSTF, SEQ ID No. 79) und eines antisense-
spezifischen Primers (NOSTG SEQ ID No. 80) amplifiziert.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- 10 Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 ul Reaktionsansatz, in dem enthalten war:
- 1 ul einer *Nostoc sp. PCC 7120* DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
15 - 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM NOSTF (SEQ ID No. 79)
- 0.2 mM NOSTG (SEQ ID No. 80)
- 5 ul 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 ul R-Taq Polymerase (TAKARA)
20 - 25.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
25 35X 94°C 1 Minute
55°C 1 Minuten
72°C 3 Minuten
1X72°C 10 Minuten
- 30 Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 79 und SEQ ID No. 80 resultierte in einem 805 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (SEQ ID No. 81). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-T (Promega) kloniert und der Klon pNOSTF-G erhalten.
35 Sequenzierung des Klons pNOSTF-G mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 88,886-89,662 des Datenbankeintrages AP003592 identisch ist. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigem Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im
40 verwendeten *Nostoc sp. PCC 7120*.

Beispiel 2

Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NP196-Ketolase aus

5 *Nostoc punctiforme ATCC 29133* kodiert.

Die DNA, die für die NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133* kodiert, wurde mittels PCR aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133* (Stamm der "American Type Culture Collection") amplifiziert.

10

Für die Präparation von genetischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc punctiforme ATCC 29133*, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·H₂O, 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml Trace Metal Mix "A5+Co" (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l Na-MoO₄·2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O)) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

20

Protokoll für die DNA-Isolation aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133*:

Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10 minütige Zentrifugation bei 8000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem

25

Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 10mM Tris-HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß (2ml-Volumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml) wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf-Reaktionsgefäß überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C gelöst.

Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133*, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc punctiforme ATCC 29133* unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NP196-1, SEQ ID No. 82) und

eines antisense-spezifischen Primers (NP196-2 SEQ ID No. 83) amplifiziert.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- 5 Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 ul Reaktionsansatz, in dem enthalten war:
- 1 ul einer *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
 - 10 - 0.25 mM dNTPs
 - 0.2 mM NP196-1 (SEQ ID No. 82)
 - 0.2 mM NP196-2 (SEQ ID No. 83)
 - 5 ul 10X PCR-Puffer (TAKARA)
 - 0.25 ul R Taq Polymerase (TAKARA)
 - 15 - 25.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 20 35X 94°C 1 Minute
- 55°C 1 Minuten
- 72°C 3 Minuten
- 1X72°C 10 Minuten

- 25 Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 82 und SEQ ID No. 83 resultierte in einem 792 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NP196, SEQ ID No. 84). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNP196 erhalten.
- 30 Sequenzierung des Klons pNP196 mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 140.571-139.810 des Datenbank-eintrages NZ_AABC01000196 identisch ist (inverse orientiert zum veröffentlichten Datenbankeintrag) mit der Ausnahme, daß G in Position 140.571 durch A ersetzt wurde,
- 35 um ein Standard-Startkodon ATG zu erzeugen. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigem Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nostoc punctiforme* ATCC 29133.

- 40 Dieser Klon pNP196 wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117(Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

pJIT117 wurde modifiziert, indem der 35S-Terminator durch den OCS-Terminator (Octopine Synthase) des Ti-Plasmides pTi15955 von Agrobacterium tumefaciens (Datenbankeintrag X00493 von Position 12,541-12,350, Gielen et al. (1984) EMBO J. 3 835-846) ersetzt wurde.

Das DNA-Fragment, das die OCS-Terminatorregion beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung des Plasmides pHETSGATE (Datenbankeintrag AJ311874, Wesley et al. (2001) Plant J. 27 581-590, nach Standardmethoden aus *E.coli* isoliert) sowie der 10 Primer OCS-1 (SEQ ID No. 85) und OCS-2 (SEQ ID No. 86) hergestellt.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die die Octopin Synthase (OCS) Terminatorregion 15 (SEQ ID No. 87) beinhaltet, erfolgte in einem 50 ul Reaktionsansatz, in dem enthalten waren:

- 100 ng pHETSGATE plasmid DNA
- 0.25 mM dNTPs
- 20 - 0.2 mM OCS-1 (SEQ ID No. 85)
- 0.2 mM OCS-2 (SEQ ID No. 86)
- 5 ul 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 ul Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 ul Aq. Dest.

25

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 30 50°C 1 Minute
- 72°C 1 Minute
- 1X72°C 10 Minuten

Das 210 bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-35 Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pOCS erhalten.

Sequenzierung des Klons pOCS bestätigte eine Sequenz, die mit einem Sequenzabschnitt auf dem Ti-Plasmid pTi15955 von Agrobacterium tumefaciens (Datenbankeintrag X00493) von Position 12.541 bis 12.350 übereinstimmt.

40

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 210 bp Sall-Xhol Fragmentes aus pOCS und Ligierung in den Sall-Xhol geschnittenen Vektor pJIT117.

Dieser Klon heisst pJO und wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP196 verwendet.

5

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 782 Bp SphI-Fragmentes aus pNP196 und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJO. Der Klon, der die NP196-Ketolase von *Nostoc punctiforme* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONP196.

10

Beispiel 3:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Tagetes erecta*

15

Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters EPSPS aus Petunia hybrida (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787; Benfey et al. (1990) Plant Cell 2: 849-856).

20

Das DNA Fragment, das die EPSPS Promoterregion (SEQ ID No. 88) aus Petunia hybrida beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomicscher DNA (nach Standardmethoden aus Petunia hybrida isoliert) sowie der Primer EPSPS-1 (SEQ ID No. 89) und EPSPS-2 (SEQ ID No. 90) hergestellt.

25

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das EPSPS-Promoterfragment (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 100 ng genomicscher DNA aus *A.thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM EPSPS-1 (SEQ ID No. 89)
- 0.2 mM EPSPS-2 (SEQ ID No. 90)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

5 50°C 1 Minute

72°C 2 Minute

1X72°C 10 Minuten

Das 1773 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-

10 Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pEPSPS erhalten.

Sequenzierung des Klons pEPSPS bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich durch zwei Deletion (Basen ctaagttcagga in Position 46-58 der Sequenz M37029; Basen aaaaatat in Position 1422-1429 der Sequenz M37029) und die Basenaustausche (T

15 statt G in Position 1447 der Sequenz M37029; A statt C in Position 1525 der Sequenz M37029; A statt G in Position 1627 der Sequenz M37029) von der publizierten EPSPS-Sequenz (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787) unterscheidet. Die zwei Deletionen und die zwei Basenaustausche an den Positionen 1447 und 1627 der Sequenz M37029 wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert
20 und repräsentieren somit die tatsächliche Nukleotidsequenz in den verwendeten Petunia hybrida Pflanzen.

Der Klon pEPSPS wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP196 verwendet.

25

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1763 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pEPSPS und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJONP196. Der Klon, der den Promoter EPSPS anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heißt pJOESP:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP107 wurde das 2.961 KB bp SacI-Xhol Fragment aus pJOESP:NP196 mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert
MSP 107 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment rbcS

35 TP FRAGMENT das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment NP196 KETO CDS (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment OCS Terminator (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

- 5 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP108 wurde das 2.961 KB bp SacI-Xhol Fragment aus pJOESP:NP196 mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert. MSP 108 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase , Fragment OCS 10 *Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 4:

Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert

- 15 Die DNA, die für die NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert, wurde mittels PCR aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 (Stamm der "American Type Culture Collection") amplifiziert. Die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 wurde in Beispiel 19 beschrieben.

- 20 Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NP195-1, SEQ ID No. 91) und eines antisense-spezifischen Primers (NP195-2 SEQ ID No. 92) amplifiziert.

- 25 Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 ul Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 ul einer *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM NP195-1 (SEQ ID No. 91)
- 0.2 mM NP195-2 (SEQ ID No. 92)
- 5 ul 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 ul R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

5 55°C 1 Minuten

72°C 3 Minuten

1X72°C 10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 91 und SEQ ID No. 92 resultierte in einem 819
10 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert
(NP195, SEQ ID No. 93). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNP195 erhalten.

15 Sequenzierung des Klons pNP195 mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte
eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 55,604-56,392 des Datenbank-
eintrages NZ_AABC010001965 identisch ist, mit der Ausnahme, daß T in Position
55.604 durch A ersetzt wurde, um ein Standard-Startkodon ATG zu erzeugen. Diese
Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigem Amplifikationsexperiment reprodu-
20 ziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nostoc punctiforme*
ATCC 29133.

Dieser Klon pNP195 wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJ0 (in
Beispiel 6 beschrieben) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 809
25 Bp SphI-Fragments aus pNP195 und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor
pJO. Der Klon, der die NP195-Ketolase von *Nostoc punctiforme* in der korrekten Orientierung
als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst
pJONP195.

30 Beispiel 5:
Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NODK-Ketolase aus *No-*
dularia spumigena NSOR10 kodiert.

Die DNA, die für die Ketolase aus *Nodularia spumigena NSOR10* kodiert, wurde mittels
35 PCR aus *Nodularia spumigena NSOR10* amplifiziert.

Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nodularia*
spumigena NSOR10, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm)
at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·H₂O,
40 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l

EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml Trace Metal Mix "A5+Co" (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l NaMoO₄·2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

5

Protokoll für die DNA-Isolation aus *Nodularia spumigena* NSOR10 :

- Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10 minütige Zentrifugation bei 8000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem
- 10 Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 10mM Tris_HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß (2ml Volumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml) wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert.
- 15 Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf-Reaktionsgefäß überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Wasser auf-
- 20 genommen und unter Erhitzung auf 65°C gelöst.

- Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nodularia spumigena* NSOR10, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nodularia spumigena* NSOR10 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NODK-1, SEQ ID No. 94) und eines
- 25 antisense-spezifischen Primers (NODK-2 SEQ ID No. 95) amplifiziert.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der
- 30 gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 ul Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 ul einer *Nodularia spumigena* NSOR10 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 35 - 0.2 mM NODK-1 (SEQ ID No. 94)
- 0.2 mM NODK-2 (SEQ ID No. 95)
- 5 ul 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 ul R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 ul Aq. Dest.

40

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 5 55°C 1 Minuten
- 72°C 3 Minuten
- 1X72°C 10 Minuten

- Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 94 und SEQ ID No. 95 resultierte in einem 720 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NODK, SEQ ID No. 96). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNODK erhalten.
- 15 Sequenzierung des Klons pNODK mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 2130-2819 des Datenbank-eintrages AY210783 identisch ist (inverse orientiert zum veröffentlichten Datenbankeintrag). Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigem Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nodularia spumignea NSOR10*.

- Dieser Klon pNODK wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJ0 (in Beispiel 6 beschrieben) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 710 Bp SphI-Fragmentes aus pNODK und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJ0.
- 25 Der Klon, der die NODK-Ketolase von *Nodularia spumignea* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONODK.
- 30 Beispiel 6:
Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10* in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.
- 35 Die Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10* in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters EPSPS aus Petunia hybrida (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787; Benfey et al. (1990) Plant Cell 2: 849-856).

Der Klon pEPSPS (in Beispiel 8 beschrieben) wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONODK (in Beispiel 12 beschrieben) verwendet.

- Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1763 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pEPSPS und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJ0NODK. Der Klon, der den Promoter EPSPS anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJOESP:NODK. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NODK in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.
- 10 Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).
- 15 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP115 wurde das 2.889 KB bp SacI-Xhol Fragment aus pJOESP:NODK mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. MSP 115 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NODK KETO CDS* (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumignea NSOR10* NODK-Ketolase,
- 20 Fragment OCS Terminator (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10*

- 25 in Tagetes erecta erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP116 wurde das 2.889 KB bp SacI-Xhol Fragment aus pJOESP:NODK mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert.

- 30 MSP 116 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NODK KETO CDS* (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumignea NSOR10* NODK-Ketolase, Fragment OCS Terminator (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

35

Beispiel 6A:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters PDS (Phytoendesaturase) aus *Lycopersicon esculentum* (Datenbankeintrag U46919).

5

Das DNA Fragment, das die PDS Promoterregion (SEQ ID No. 100) aus *Lycopersicon esculentum* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomicscher DNA (nach Standardmethoden aus *Lycopersicon esculentum* isoliert) sowie der Primer PDS-1 (SEQ ID No. 98) und PDS-2 (SEQ ID No. 99) hergestellt.

10

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das PDS-Promoterfragment beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

15

- 100 ng genomicscher DNA aus *Lycopersicon esculentum*
 - 0.25 mM dNTPs
 - 0.2 mM PDS-1 (SEQ ID No. 98)
 - 0.2 mM PDS-2 (SEQ ID No. 99)
- 20 - 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
 - 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

25

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 2 Minute

30 1X 72°C 10 Minuten

Das 2096 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pPDS erhalten.

35 Der Klon pPDS wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJOEPS:NP196 (in Beispiel 3 beschrieben) verwendet.

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 2094 Bp Ecl136II-Smal Fragmentes aus pPDS und Ligierung in den Ecl136II-HindIII geschnittenen Vektor pJOEPS:NP196. Die

40 HindIII-Schnittstelle des Vektors wurde zuvor durch Behandlung mit dem Klenow-

Enzym in eine „blunt-end“-Schnittstelle überführt. Der Klon, der den Promoter PDS anstelle des ursprünglichen Promoters EPSPS enthält, heisst pJOPDS:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

5

Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

- 10 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP117 wurde das 3.3 KB Ecl136II-Xhol Fragment aus pJOPDS:NP196 mit dem Ecl136II-Xhol geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. MSP 117 beinhaltet Fragment PDS den PDS Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

20

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP118 wurde das 3.3 KB bp Ecl136II-Xhol Fragment aus pJOPDS:NP196 mit dem Ecl136II-Xhol geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert. MSP 118 beinhaltet Fragment PDS den PDS Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase , Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 6B:

- Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-
30 Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715).

- 35 Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters B-GENE (chromoplastenspezifische lycopene B-cyclase) aus *Lycopersicon esculentum* (Datenbankeintrag AAZ51517).

- Das DNA Fragment, das die B-GENE Promoterregion (SEQ ID No. 103) aus *Lycopersicon esculentum* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomicscher DNA

(nach Standardmethoden aus *Lycopersicon esculentum* isoliert) sowie der Primer BGEN-1 (SEQ ID No. 101) und BGEN-2 (SEQ ID No. 102) hergestellt.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

5

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das B-GENE-Promoterfragment beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 100 ng genomicscher DNA aus *Lycopersicon esculentum*
- 10 - 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM BGEN-1 (SEQ ID No. 101)
- 0.2 mM BGEN-2 (SEQ ID No. 102)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 15 - 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

20 35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 2 Minute

1X 72°C 10 Minuten

25 Das 1222 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pB-GENE erhalten.

Der Klon pB-GENE wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJOEPS:NP196 (in Beispiel 3 beschrieben) verwendet.

30

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1222 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pB-GENE und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJOEPS:NP196. Der Klon, der den Promoter B-GENE anstelle des ursprünglichen Promoters EPSPS enthält, heißt pJOBGEN:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment

35 NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

40

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP119 wurde das 2.4 KB SacI-Xhol Fragment aus pJOBGEN:NP196 mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. MSP 119 beinhaltet Fragment B-GENE den B-GENE Promoter, Fragment *rbcS TP*

- 5 *FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektoren für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP120 wurde das 2.4 KB bp SacI-Xhol Fragment aus pJOBGEN:NP196 mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert. MSP 120 beinhaltet Fragment B-GENE den B-GENE Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase , Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

20 Beispiel 6C:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

25 Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid *rbcS* aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters CHRC (chromoplast-specific carotenoid-associated protein) aus *Cucumis sativa* (Datenbank-eintrag AF099501).

30

Das DNA Fragment, das die CHRC Promoterregion (SEQ ID No. 106) aus *Lycopersicon esculentum* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomicscher DNA (nach Standardmethoden aus *Lycopersicon esculentum* isoliert) sowie der Primer CHRC-1 (SEQ ID No. 104) und CHRC-2 (SEQ ID No. 105) hergestellt.

35

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das CHRC-Promoterfragment beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

40

- 100 ng genomischer DNA aus *Lycopersicon esculentum*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM CHRC-1 (SEQ ID No. 101)
- 0.2 mM CHRC-2 (SEQ ID No. 102)
- 5 - 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 10
- 1X 94°C 2 Minuten
 - 35X 94°C 1 Minute
 - 50°C 1 Minute
 - 72°C 2 Minute
- 15 1X 72°C 10 Minuten

Das 1222 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pCHRC erhalten.

- 20 Der Klon pB-GENE wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJOEPS:NP196 (in Beispiel 2 beschrieben) verwendet.

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1540 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pCHRC und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJOEPS:NP196. Der 25 Klon, der den Promoter CHRC anstelle des ursprünglichen Promoters EPSPS enthält, heisst pJOCHRC:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

- 30 Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP121 wurde das 2.6 KB SacI-Xhol Fragment aus pJOCHRC:NP196 mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. 35 MSP 121 beinhaltet Fragment CHRC den CHRC Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

- 5 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP122 wurde das 2.6 KB bp SacI-Xhol
Fragment aus pJOCHRC:NP196 mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN5 li-
giert. MSP 122 beinhaltet Fragment CHRC den CHRC Promoter, Fragment *rbcS TP*
FRAGMENT das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS*
(761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase , Fragment OCS Ter-
10 minator (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 7:

Herstellung transgener *Tagetes* Pflanzen

- 15 Tagetessamen werden sterilisiert und auf Keimungsmedium (MS-Medium; Murashige
and Skoog, Physiol. Plant. 15(1962), 473-497) pH 5,8, 2% Saccharose) aufgelegt. Die
Keimung erfolgt in einem Temperatur/Licht/Zeitintervall von 18-28°C/20-200 µE/3 - 16
Wochen, bevorzugt jedoch bei 21°C, 20-70 µE, für 4-8 Wochen.
- 20 Alle Blätter der sich bis dahin entwickelten *in vitro* Pflanzen werden geerntet und quer
zur Mittelrippe geschnitten. Die dadurch entstehenden Blattexplantate mit einer Größe
von 10 - 60 mm² werden im Verlaufe der Präparation in flüssigem MS - Medium bei
Raumtemperatur für maximal 2 h aufbewahrt.
- 25 Ein beliebiger Agrobakterium tumefaciens Stamm, bevorzugt aber ein supervirulenter
Stamm, wie z.B. EHA105 mit einem entsprechenden Binärplasmid, das ein Selekti-
onsmarkergen (bevorzugt *bar* oder *paf*) sowie ein oder mehrere Trait- oder Reporter-
gene tragen kann wird (pS5FNR:NOST, pS5AP3:NOST pS5FNR:NP196,
pS5EPS:NP196, pS5FNR:NP195, pS5EPS:NP195, pS5FNR:NODK und
30 pS5EPS:NODK), über Nacht angezogen und für die Co-Kultivierung mit dem Blattma-
terial verwendet. Die Anzucht des Bakterienstammes kann wie folgt erfolgen: Eine Ein-
zelkolonie des entsprechenden Stammes wird in YEB (0,1 % Hefeextrakt, 0,5 % Rind-
fleischextrakt, 0,5 % Pepton, 0,5 % Saccharose, 0,5 % Magnesiumsulfat x 7 H₂O) mit
25 mg/l Kanamycin angeimpft und bei 28°C für 16 bis 20 h angezogen. Anschließend
35 wird die Bakteriensuspension durch Zentrifugation bei 6000 g für 10 min geerntet und
derart in flüssigem MS Medium resuspendiert, daß eine OD₆₀₀ von ca. 0,1 bis 0,8 ent-
stand. Diese Suspension wird für die C-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet.
- 40 Unmittelbar vor der Co-Kultivierung wird das MS-Medium, in dem die Blätter aufbe-
wahrt worden sind, durch die Bakteriensuspension ersetzt. Die Inkubation der Blätt-

chen in der Agrobakteriensuspension erfolgte für 30 min unter leichtem Schütteln bei Raumtemperatur. Anschließend werden die infizierten Explantate auf ein mit Agar (z.B. 0,8 % Plant Agar (Duchefa, NL) verfestigtes MS-Medium mit Wachstumsregulatoren, wie beispielsweise 3 mg/l Benzylaminopurin (BAP) sowie 1 mg/l Indolylessigsäure (IAA) aufgelegt. Die Orientierung der Blätter auf dem Medium ist bedeutungslos. Die Kultivierung der Explantate findet für 1 bis 8 Tage, bevorzugt aber für 6 Tage statt, dabei können folgende Bedingungen angewendet werden: Lichtintensität: 30 – 80 $\mu\text{Mol}/\text{m}^2 \times \text{sec}$, Temperatur: 22 – 24°C, hell/dunkel Wechsel von 16/8 Stunden. Anschließend werden die co-kultivierten Explantate auf frisches MS-Medium, bevorzugt mit den gleichen Wachstumsregulatoren übertragen, wobei dieses zweite Medium zusätzlich ein Antibiotikum zur Unterdrückung des Bakterienwachstums enthält. Timentin in einer Konzentration von 200 bis 500 mg/l ist für diesen Zweck sehr geeignet. Als zweite selektive Komponente wird eine für die Selektion des Transformationserfolges eingesetzt: Phosphinothricin in einer Konzentration von 1 bis 5 mg/l selektiert sehr effizient, aber auch andere selektive Komponenten gemäß des zu verwendenden Verfahrens sind denkbar.

Nach jeweils ein bis drei Wochen erfolgt der Transfer der Explantate auf frisches Medium bis sich Sproßknospen und kleine Sprosse entwickeln, die dann auf das gleiche Basalmedium einschließlich Timentin und PPT oder alternative Komponenten mit Wachstumsregulatoren, nämlich z.B. 0,5 mg/l Indolylbuttersäure (IBA) und 0,5 mg/l Gibberillinsäure GA₃, zur Bewurzelung übertragen werden. Bewurzelte Sprosse können ins Gewächshaus überführt werden.

25 Zusätzlich zu der beschriebenen Methode sind folgende vorteilhafte Modifikationen möglich:

Bevor die Explantate mit den Bakterien infiziert werden, können sie für 1 bis 12 Tage, bevorzugt 3 - 4, auf das oben beschriebene Medium für die Co-Kultur vorinkubiert werden. Anschließend erfolgt die Infektion, Co-Kultur und selektive Regeneration wie oben beschrieben.

Der pH Wert für die Regeneration (normalerweise 5,8) kann auf pH 5,2 gesenkt werden. Dadurch wird die Kontrolle des Agrobakterienwachstums verbessert.

35 Die Zugabe von AgNO₃ (3 - 10 mg/l) zum Regenerationsmedium verbessert den Zustand der Kultur einschließlich der Regeneration selbst.

Komponenten, die die Phenolbildung reduzieren und dem Fachmann bekannt sind, wie z.B. Zitronensäure, Ascorbinsäure, PVP u.v.a.m., wirken sich positiv auf die Kultur aus.

- Für das gesamte Verfahren kann auch flüssiges Kulturmödium Verwendung finden. Die
5 Kultur kann auch auf handelsüblichen Trägern, die auf dem flüssigen Medium positioniert werden inkubiert werden.

Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Expressionskonstrukten folgende Linien erhalten:

10 Mit pS5FNR:NOST wurde beispielsweise erhalten: MSP102-1, MSP102-2, MSP102-3,

Mit pS5AP3:NOST wurde beispielsweise erhalten: MSP104-1, MSP104-2, MSP104-3

15 Mit pS5FNR:NP196 wurde erhalten: MSP106-1, MSP106-2, MSP106-3

Mit pS5EPS:NP196 wurde erhalten: MSP108-1, MSP108-2, MSP108-3

Mit pS5FNR:NP195 wurde erhalten: MSP110-1, MSP110-2, MSP110-3

20 Mit pS5EPS:NP195 wurde erhalten: MSP112-1, MSP112-2, MSP112-3

Mit pS5FNR:NODK wurde erhalten: MSP114-1, MSP114-2, MSP114-3

25 Mit pS5EPS:NODK wurde erhalten: MSP116-1, MSP116-2, MSP116-3

Mit pS3PDS:NP196 wurde erhalten: MSP117-1, MSP117-2, MSP117-3

Mit pS5PDS:NP196 wurde erhalten: MSP118-1, MSP118-2, MSP118-3

30 Mit pS3CHRC:NP196 wurde erhalten: MSP119-1, MSP119-2, MSP119-3

Mit pS5CHRC:NP196 wurde erhalten: MSP120-1, MSP120-2, MSP120-3

Mit pS3BGEN:NP196 wurde erhalten: MSP121-1, MSP121-2, MSP121-3

Mit pS5BGEN:NP196 wurde erhalten: MSP122-1, MSP122-2, MSP122-3

35

Beispiel 8:

Enzymatische Lipase-katalysierte Hydrolyse von Carotinoideestern aus Pflanzenmaterial und Identifizierung der Carotinoide

40

Allgemeine Arbeitsvorschrift

- a) Gemörsertes Pflanzenmaterial (z.B. Petalenmaterial) (30-100 mg Frischgewicht) wird mit 100% Aceton (dreimal 500 μ l; jeweils etwa 15 Minuten schütteln) extrahiert.
- 5 Das Lösungsmittel wird evaporiert. Carotinoide werden anschließend in 495 μ l Aceton aufgenommen, 4,95 ml Kaliumphosphatpuffer (100 mM, pH7.4) zugegeben und gut gemischt. Danach erfolgt die Zugabe von ca. 17 mg Bile-Salze (Sigma) und 149 μ l einer NaCl/CaCl₂-Lösung (3M NaCl und 75 mM CaCl₂). Die Suspension wird für 30 Minuten bei 37°C inkubiert. Für die enzymatische Hydrolyse der Carotinoidester wird 595 μ l einer Lipaselösung (50 mg/ml Lipase Typ7 von *Candida rugosa* (Sigma)) zugegeben und unter Schütteln bei 37C inkubiert. Nach etwa 21 Stunden erfolgte nochmals eine Zugabe von 595 μ l Lipase mit erneuter Inkubation von mindestens 5 Stunden bei 37°C. Anschließend werden etwa ca. 700 mg Na₂SO₄ in der Lösung gelöst. Nach Zugabe von 1800 μ l Petrolether werden die Carotinoide durch kräftig Mischen in die organische Phase extrahiert. Dieses Ausschütteln wird solange wiederholt, bis die organische Phase farblos bleibt. Die Petroletherfraktionen werden vereinigt und der Petrolether evaporiert. Freie Carotinoide werden in 100-120 μ l Aceton aufgenommen. Mittels HPLC und C30-reverse phase-Säule können freie Carotinoide aufgrund von Retentionszeit und UV-VIS-Spektren identifiziert werden.
- 20 Die verwendeten Bile-Salze oder Gallensäuresalze sind 1:1 Mischungen von Cholat und Desoxycholat.
- b) Arbeitsvorschrift für Aufarbeitung, wenn nur geringe Mengen an Carotinoidestern im Pflanzenmaterial vorhanden sind
- 25 Alternativ kann die Hydrolyse der Carotinoidester durch Lipase aus *Candida rugosa* nach Trennung mittels Dünnschichtchromatographie erreicht werden. Dazu werden 50-100mg Pflanzenmaterial dreimal mit etwa 750 μ l Aceton extrahiert. Der Lösungsmittelextrakt wird im Vakuum einrotiert (erhöhte Temperaturen von 40-50°C sind tolerabel). Danach erfolgt Zugabe von 300 μ l Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) und gute Durchmischung. Schwebstoffe werden durch Zentrifugation (1-2 Minuten) sedimentiert. Die obere Phase wird in ein neues Reaktionsgefäß überführt. Das verbleibende Rest wird erneut mit 200 μ l Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) extrahiert und Schwebstoffe werden durch Zentrifugation entfernt. Die beiden Extrakte werden zusammengeführt (Volumen 500 μ l) und die Lösungsmittel evaporiert. Der Rückstand wird in 30 μ l Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) resuspendiert und auf eine Dünnschichtplatte (Silica-Gel 60, Merck) aufgetragen. Falls mehr als eine Auftragung für präparativ-analytische Zwecke erforderlich ist, sollten mehrere Aliquots mit jeweils 50-100 mg Frischgewicht in der

beschriebenen Weise für die dünnsschichtchromatographische Trennung aufbereitet werden.

Die Dünnschichtplatte wird in Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) entwickelt. Carotinoidbanden können visuell aufgrund ihrer Farbe identifiziert werden. Einzelne Carotinoidbanden werden ausgekratzt und können für präparativ-analytische Zwecke gepoolt werden. Mit Aceton werden die Carotinoide vom Silica-Material eluiert; das Lösungsmittel wird im Vakuum evaporiert. Zur Hydrolyse der Carotinoidester wird der Rückstand in 495µl Aceton gelöst, 17mg Bile-Salze (Sigma), 4,95ml 0.1M Kaliumphosphatpuffer (pH 7,4) und 149µl (3M NaCl, 75mM CaCl₂) zugegeben. Nach guter Durchmischung wird 30min bei 37°C äquilibriert. Danach erfolgt die Zugabe von 595µl Lipase von Candida rugosa (Sigma, Stammlösung von 50mg/ml in 5mM CaCl₂). Über Nacht erfolgt die Inkubation mit Lipase unter Schütteln bei 37°C. Nach etwa 21 Stunden wird nochmals die gleiche Menge an Lipase zugegeben; für mindestens 5 Stunden wird nochmals bei 37°C unter Schütteln inkubiert. Dann erfolgt die Zugabe von 700mg Na₂SO₄ (wasserfrei); mit 1800µl Petrolether wird für ca. 1 Minute ausgeschüttelt und die Mischung bei 3500 Umdrehungen/Minute für 5 Minuten zentrifugiert. Die obere Phase wird in ein neues Reaktionsgefäß überführt und das Ausschütteln so lange wiederholt, bis die obere Phase farblos ist. Die vereinigte Petrolether-Phase wird im Vakuum eingeengt (Temperaturen von 40-50°C sind möglich). Der Rückstand wird in 120µl Aceton, eventuell mittels Ultraschall, gelöst. Die gelösten Carotinoide können mittels HPLC unter Verwendung einer C30-Säule getrennt und anhand von Referenzsubstanzen quantifiziert werden.

25 Beispiel 9:

HPLC-Analyse freier Carotinoide

Die Analyse der nach der Arbeitsvorschriften in Beispiel 15 erhaltenen Proben erfolgt unter folgenden Bedingungen:

30

Folgende HPLC-Bedingungen wurden eingestellt.

Trennsäule: Prontosil C30-Säule, 250 x 4,6 mm, (Bischoff, Leonberg, Germany)

Flussrate: 1.0 ml/min

Eluenten: Laufmittel A - 100% Methanol

35

Laufmittel B - 80% Methanol, 0.2% Ammoniumacetat

Laufmittel C - 100% t-Butyl-methylether

Detektion: 300-530 nm

Gradientenprofil:

Zeit	Flussrate	% Laufmittel A	% Laufmittel B	% Laufmittel C
------	-----------	----------------	----------------	----------------

1.00	1.0	95.0	5.0	0
12.00	1.0	95.0	5.0	0
12.10	1.0	80.0	5.0	15.0
22.00	1.0	76.0	5.0	19.0
22.10	1.0	66.5	5.0	28.5
38.00	1.0	15.0	5.0	80.0
45.00	1.0	95.0	5.0	0
46.0	1.0	95.0	5.0	0

Einige typische Retentionszeiten für erfindungsgemäß gebildete Carotinoide sind z.B.: Violaxanthin 11,7 min, Astaxanthin 17,7 min, Adonixanthin 19 min, Adonirubin 19,9 min, Zeaxanthin 21 min.

Patentansprüche

1. Verwendung eines Promotors, ausgewählt aus der Gruppe

- 5 A) EPSPS Promotor
- B) B-Gene Promotor
- C) PDS Promotor und
- D) CHRC Promotor

10 10 zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.

15 2. Verwendung nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Expression spezifisch in Blüten erfolgt.

3. Verwendung nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, dass die Expression spezifisch in Petalen erfolgt.

20 4. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der EPSPS Promotor gemäß Anspruch 1

A1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 oder

25 A2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 aufweist oder

A3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder

30 A4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter A1), A2) oder A3)

enthält.

5. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der B-Gene Promotor gemäß Anspruch 1

B1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 oder

- B2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 aufweist oder
- 5 B3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- B4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter B1), B2) oder B3)
- 10 enthält.
6. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der PDS Promotor gemäß Anspruch 1
- 15 C1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 oder
- C2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 aufweist oder
- C3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO.
- 20 7, 8, 9 oder 10 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- C4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter C1), C2) oder C3)
- enthält.
- 25 7. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der CHRC Promotor gemäß Anspruch 1
- D1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 oder
- D2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 aufweist oder
- D3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- 30 D4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter D1), D2) oder D3)
- enthält.

8. Genetisch veränderte Pflanze der Gattung Tagetes, wobei die genetische Veränderung zu einer Erhöhung oder Verursachung der Expressionsrate mindestens eines Gens im Vergleich zum Wildtyp führt und bedingt ist durch die Regulation der Expression dieses Gens in der Pflanze durch Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7.
9. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, dass die Regulation der Expression von Genen in der Pflanze durch Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 dadurch erreicht wird, dass man
 - 10 a) eine oder mehrere Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 in das Genom der Pflanze einbringt, so dass die Expression eines oder mehrerer endogenen Gene unter der Kontrolle der eingebrachten Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 erfolgt oder
 - 15 b) ein oder mehrere Gene in das Genom der Pflanze einbringt, so dass die Expression eines oder mehrerer der eingebrachten Gene unter der Kontrolle der endogenen Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 erfolgt oder
 - 20 c) ein oder mehrere Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend mindestens einen Promotor gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 und funktionell verknüpft eine oder mehrere, zu exprimierende Gene, in die Pflanze einbringt.
- 25 10. Genetisch veränderte Pflanze der Gattung Tagetes, enthaltend einen Promotor gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 und funktionell verknüpft ein zu exprimierendes Gen, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.
- 30 11. Genetisch veränderte Pflanze nach einem der Ansprüche 8 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus den Biosyntheseweg von proteinogenen und nicht-proteinogenen Aminosäuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Nukleotiden und Nukleosiden, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von organischen Säuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Lipiden und Fettsäuren, Nuk-

- leinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Diolen, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Kohlenhydraten, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von aromatischen Verbindung, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von
- 5 Vitaminen, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Cofaktoren und Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Enzymen, wobei die Gene gegebenenfalls weitere Regulationselemente enthalten können.
- 10 12. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als zu exprimierende Gene Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden verwendet.
- 15 13. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.
- 20 25 30 14. Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten durch Kultivierung von genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes gemäß einem der Ansprüche 8 bis 13.

15. Verfahren zur Herstellung von Carotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Pflanzen gemäß einem der Ansprüche 8 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ε -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.
16. Verfahren nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, dass man nach dem Kultivieren die genetisch veränderten Pflanzen erntet und anschließend die Carotinoide aus den genetisch veränderten Pflanzen isoliert.
17. Verfahren nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, dass man die Blüten der genetisch veränderten Pflanzen erntet und anschließend die Carotinoide aus den Petalen der genetisch veränderten Pflanzen isoliert.
18. Verfahren nach einem der Ansprüche 15 bis 17, dadurch gekennzeichnet, dass die Carotinoide ausgewählt sind aus der Gruppe Phytoen, Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

10/568741

PCT/EP2004/008624

WO 2005/019460

SEQUENCE LISTING

1
AP20 Rec'd PCT/PTO 17 FEB 2006

<110> SunGene GmbH & Co. KGaA

<120> Promotoren zur Expression von Genen in Tagetes

<130> PF 55341

<160> 106

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 174

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> promotér

<222> (1)..(174)

<223> EPSPS Promotor

<400> 1

gagaacacag ctggaatttt ttacaaagg agttggtgaa gctagtcagc gaatcccatt 60

accttccact ctacctaacc cccttcacca acaacaaatt tctgttaattt aaaaacttagc 120

caaaaaagaa ctctctttta caaagagcca aagactcaat ctttactttc aaga 174

<210> 2

<211> 1781

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1781)

<223> EPSPS Promotor

<400> 2
tagcgcaatc ttatgtggta caaatcttga ttagtcgggc taagttcag gaaaaaaaatg 60
atgtggccct acaaatggtt ggaggatggg agatttgct ctatcttagag ttatgtggtt 120
gttgaagcat ttggttactc tctgctgtgg tagttggcat atccacattt ttccttcca 180
cttttatgac aattacgtga aagttatggg ttgttttgc tatttttgc gaggccttc 240
ttttccttcc aggttggta agatggtcca attcgattag aataatgttt tgagctttag 300
catattctct ctcgtttaca cgattatagt aataatgata taggatgaca gaagttgaca 360
cataaaatttt ttattcttc catttacttt aatccaaatc tcacctaccc taaaacttctt 420
taatatgtat tcaatagtct atccgagtaa attgtaaatt taacaaccat tgataatatt 480
gacacctact aacatatact agtaaagaga atattaacat ggcacatata atttgatgca 540
aaatgagttt gatgaaattt aaacccaaaaa tctcttgatt ttgacagtgt caccttgact 600
tgttaactaa taagtcatgt ttttagtggca gaaagacaaa ctcatccacc aactgtatag 660
caataaaaaaa tagaagaatc ttcctgaggc aaagtttgg aaaaattaag agtggcttag 720
attnaatttc aacaggaatt agttccactt aacttttagg ttacgataca gtgctaatta 780
aataacttaa ttgtattaga tatttcttgc acctaaaaaa tttaaaaact gaaaaaaggt 840
agcaatcaaa ataaacaaaaa ggacaaaata agtgaaaggt acagccacca accctggcgg 900
ctcactgttt gttggtaaa acgttagactt acacctacca aaatctacaa ctaaaatgag 960
gcaataatac ttgcacaaaa attaccaaga aaagaaaaag aaaggaatcc cttaatatta 1020
ctctccttcca ttgcacata aatatcctag tttgacttaa attagagttt aaaaatgaa 1080
agacgacttt taaaacttgt aatctaaaat aaatcatagt taaatgtgtg gctataaatc 1140
attgtattaa cggtaaagtg gtaagttaa aagttaattt tttcaataa taaaattgtt 1200
ctatcattct ttttggaaatg gactaataag aaaactatga catccattat ggagcggagg 1260

gagtatctcc ttttaacaat aacctttgtc ccttcaattc aattatcagt atgcaaacat 1320
taaaaattat tattgatgtt aagtaccaca tcatccttaa tgatagaatc atcgtagaaac 1380
gctttccag gcacacattc aaactagtta gacaaaaaaa tatgtaccac acatcgaata 1440
gtccagactt ctttgttga atagtcgact acattggata atggaacttc tcgaattaac 1500
ttcgaattag tcgagccccca aataatatat acgtcggtg gaaaactata aaatgttga 1560
caaaaatgtc aaattaatat atcaatctgc aacaaccttt tcaccttgag aacacagctg 1620
gaattttta caaaggtagt tggtaagct agtcagcgaa tcccattacc ttccactcta 1680
cctaaccccc ttcaccaaca acaaatttct gtaattaaa aactagccaa aaaagaactc 1740
tctttacaa agagccaaag actcaatctt tactttcaag a 1781

<210> 3

<211> 1760

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1760)

<223> EPSPS Promotor

<400> 3

tagcgcaatc ttatgtggta caaatcttga ttagtcggga aaaaatgatg tggccctaca 60
aatggttgga ggatgggaga tttggctcta tctagagttt tgtgggtt gaagcatttg 120
gttactctct gctgtggtag ttggcatatc cacattgtct cttccactt ttatgacaat 180
tacgtgaaag ttatgggtt ttttgtctat ttttgtcag gccttcttt tccttccagg 240
ttgttgaaga tggtccaatt cgattagaat aatgtttga gctttagcat attctcttc 300
gtttacacga ttatagtaat aatgatatac gatgacagaa gttgacacat aaattttta 360
ttctctccat ttactttat ccaaattctca cctaccctaa acttctttaa tatgtattca 420
atagtctatc cgagtaaattt gtaaattttaa caaccattga taatattgac acctactaac 480

atatactagt aaagagaata ttaacatggc acatataatt tgatgc当地 tgagtatgat 540
gaaatttaaaa cccaaaatct cttgattttg acagtgtcac cttgacttgt taactaataa 600
gtcatgtttt agtggcagaa agacaaactc atccaccaac tgtatagcaa taaaaaatag 660
aagaatcttc ctgaggcaaa gtttgaaaa aattaagagt ggctgagatt taatttcaac 720
aggaatttagt tccacttaac ttttaggtta cgatacagtg ctaattaaat aacttaattg 780
tattagatat ttcttgacc taaaaaattt aaaaactgaa aaaaggtgc aatcaaataa 840
aacaaaagga caaaataagt gaaaggtaca gccaccaacc ctggcgctc actgttttt 900
ggtaaaaacg tagacttaca cctaccaaaa tctacaacta aaatgaggca ataatactt 960
gcccaaaatt accaagaaaa gaaaaagaaa ggaatccctt aatattactc tcctccattt 1020
cacaataaaat atcctagttt gacttaaattt agagttaaa aaatgaaaga cgacttttt 1080
aacttgtaat ctaaaataaa tcatagttaa atgtgtggct ataaatcatt gtattaacgg 1140
taaagtggta agtttaaaaag ttaatttttt tcaaataataa aattgtacta tcatttttt 1200
tggaatggac taataagaaa actatgacat ccattatgga gcggagggag tatctccccc 1260
taacaataac ctttgcctt tcaattcaat tatcagttatg caaacattaa aaattattat 1320
tgatgttaag taccacatca tccttaatga tagaatcatc gttagaacgct tttccaggca 1380
cacattcaaa ctagtttagac cagtagccaca catcgaatat tccagacttc tttgtttgaa 1440
tagtcgacta cattggataa tggaacttct cgaattaact tcgaatttagt cgagccccaa 1500
ataatataata cgtcgggtgg aaaactataa aatgtttgac aaaaatgtca attaataata 1560
tcaatctgca acaacctttt caccttgaga acacagctga aattttttac aaaggttagtt 1620
ggtaagcta gtcagcgaat cccattacct tccactctac ctaacccct tcaccaacaa 1680
caaatttctg taatttaaaa actagccaaa aaagaactct ctttacaaa gagccaaaga 1740
ctcaatcttt actttcaaga 1760

<210> 4

<211> 1210

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> promoter

<222> (1) ..(1210)

<223> B-Gene Promotor

<400> 4

gaattctctg	aaaaggagca	ccatatttgc	cgcactgtgg	ttcatatttc	caagtacatt	60
tagatgaact	atatcatcag	attgaaaggt	tattgtataa	tcaatccagt	ggattctcg	120
tctggcacct	ttagaagtac	atgtgcggaa	aagaatgata	aggtttgtat	tgttgttgac	180
aaaggctgtt	gcctttctca	tttgtaaatg	ttctgaacga	ctcctaaatt	actcttaagg	240
tgtaaggct	tccgtgcctg	tttgtaaata	taatgctgtg	ccgtgactta	cctttgtac	300
catttgtca	aatgtatggc	ctgaacacca	ggggtgtcaa	aaatgtctca	tgcccgttt	360
attggctctga	aaatggcgtg	atgccaattt	ctgcccgtcc	acagtgagca	tttcgatcta	420
ctggaaattt	accaacttat	tttacactt	gataactaaa	caaaatccta	ttaactttaa	480
tcatacattt	tatttatacc	aaaaaattt	tgcataactc	attaaattac	cttttttagc	540
agtcaaattt	taaatcagtt	tctaaattt	caaaatggct	tttataagggt	cccatttcca	600
ctaataacc	tgccgtccat	gcactgacta	aaaaacaaat	acctcactat	gtttgttagt	660
gcttggtaat	ataaaaacctt	ttctttatg	agaaaagttca	ccgagaataa	ttttctattt	720
gtggcataat	agtatatagt	gcagattgac	aagaatttaa	tttgcagtt	gggcacatga	780
acaattttcc	tcaaagtgt	agaaaagtact	tttcattttc	ttgtcaccga	aaatttattt	840
taattgaaat	taaaaccgaa	tgagctgcaa	gattcaagtc	gaattttcaa	aagaattgac	900
caagaaaaaaaa	ttcaaaaata	tccccccaccc	cctaccaaac	acatcctaaa	gtgagggtata	960
gactgggact	gggattggga	aaagggtaaa	atgcttcac	tagcttagca	aagattccac	1020
tttggtagct	atctttcttt	ctcatttcct	tttttctttt	tctttttttt	gttatataag	1080
ccaaagttagg	tacccaaaag	catcaatatt	ttgtattgct	tggtgattcc	tctgtagtc	1140
agtatttcat	tttctacaag	ttcccacctcc	ctccataattt	aaccattatc	aatcttatac	1200
attctctata						1210

<210> 5

<211> 1599

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1) ..(1599)

<223> B-Gene Promotor

<400> 5
atctcattgt atagcttgtc ttttgttca gtcgtcttag gcttgggtta gttgggtttg 60
ctgtttcata cttctatcaa ccttgtgtga gttcctttat aaaatatgac tgttggagga 120
agtaatttac cttagttcg actacatcaa gatttgcac attctcggtcc aagaaatctt 180
agtttgaagc ctttggctt ggtatatttg tcaatctgag cttcgcaact ttctcatgac 240
aggggtttgt tgacatgcct gattgtgctc ttcctttact tgataattgc tgttgttgc 300
ggaggcatca ctctacccctc ctgcagatca tgaattctct gaaaaggagc accatatttgc 360
ccgcactgtg gttcatattt ccaattacat ttagatgaac tatcatca ggagtgaaag 420
gttattgtat aatcaatcca gtggattctc gttctggcac ctttagaagt acatgtgcgg 480
aaaagaatga taaggtttgt attgttgttg acaaggcctg ttgcctttct catttgcataa 540
tgttctgaac gactcctaaa ttactcttaa agtgcataaggctt cttccgtgcc tgtttgcata 600
tataatgctg tgccgtgact tacctttgtt accattttgtt caaatgtatg gcctggacac 660
tagggttgc aaaaatgtct catgacttca cccttcttcc ttgtcttgc gcccgtttca 720
ttggcttgag aacggcgtga tgccaaatttgc tgccgctcca cagtgcacat ttgcgttgc 780
tggaaatttgc ccaacttattt ttatcacttg ataacttagag tctgggttca aacaaaatcc 840
aataacttca atcatacattt gtatttatattt tgaaaaattt atgcacaactt cagtttttttttca 900
ccttttttttgc cagtcaaaaaa ttcttagatca gtttctaattt aatcaaaaatgc gcctttatag 960
ggtcccagttt ccattaatattt acctgcccgtca catgcacttca ttacaagaca aataccttac 1020
tatgtttgtt agtgcattttt aatataaaaac cttttctttt atgagaaaatgt tcaccggaaaa 1080
taattttcttca tttgtggcat aacttagtac gaagtatata gtgcagattt acaagaattt 1140

aattttgcag ttgggcacat gaacaatttt cctcaaagtt gtagaaaata ttttcattt 1200
tcttgtcacc gaaaattatt tataattgaa attgaaacccg aatgagctgc aagactcgag 1260
tcgaatttca aaaaaattga ccaactaaat atgaaaaaat ccgaatatat cccccacccc 1320
ctaccaaaca catcctaaag tgaggtatag actgggactg ggattggaa aagggtaaaa 1380
tgcttcact agcttagcaa agattccact ttgttagcta tcttccttc tcatttcctt 1440
ttttctttt cttttttg ttatataagc caaagttaggt accaaaaagc atcaatattt 1500
tgtattgctt ggtgattcct ctttactcca gtatttcatt ttctacaagt tccacctccc 1560
tccataatta accattatca atcttataca ttttctata 1599

<210> 6

<211> 1204

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1204)

<223> B-Gene Promotor

<400> 6
tctgaaaagg agcaccatat ttgccgcact gtggttcata tttccaagta catttagatg 60
aactatataatca tcagattgaa aggttattgt ataatcaatc cagtgattc tcgttctggc 120
accttttagaa gtacatgtgc ggaaaagaat gataagggtt gtattgttgc tgacaaagcc 180
tgttgcctt ctcatttgc aatgttctgc acgactccata aattactctt aaggtgtaa 240
gtcttccgtg cctgtttgt aatataatgc tgtgccgtga cttacctttt gtaccatttg 300
ttcaaatgt a tggcctggac accagggttg tcaaaaatgt ctcattccccg ttttattgg 360
ctgagaatgg cgtgatgcc aattctgccg ctccacagtgc agcatttcga tctactggaa 420
attgaccaac ttatatttac acttgataac taaacaaaat cctattaact ttaatcatac 480
attgtattta taccgaaaaa gttatgcata actcagtaaa ttacctttt tagcagtcaa 540

attctagatc agtttcta at ttatcaaaat ggctttata gggcccagt tccactaata 600
tacctgccgt ccatgcactg actacaagac aaatacctca ctatgttgt tagtgctgg 660
taatataaaa cctttcttt tatgagaaaat ttcaccgaga ataattttct atttgtggca 720
taactagtat atagtgcaga ttgacaagaa tttaattttc cagttggca catgaacaat 780
tttcctcaaa gttgtagaaa gtactttca ttttcttgc accgaaaatt atttataatt 840
gaaataaaaa ccgaatgagc tgcaagattc aagtcgaatt tcaaaaagaat tgaccaagaa 900
aaaattcaaa aatatcccc accccctacc aaacacatcc taaagtgagg tatagactgg 960
gactgggatt gggaaaaggg taaaatgctt tcactagctt agcaaagatt ccactttgtt 1020
agctatcttt ctttctcatt tcctttttc ttttctttt ttttgtata taagccaaag 1080
taggtaccca aaagcatcaa tattttgtat tgcttggta ttcctctgta gtccagtatt 1140
tcattttcta caagttccac ctccctccat aattaaccat tatcaatctt atacattctc 1200
tata 1204

<210> 7

<211> 2078

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(2078)

<223> PDS Promotor

<400> 7
tttgccagta ttacaacagc ttatatgttg agcaggtaaa agcttcaatg ccctattctt 60
tctacagtta tcaatgttgc tcgtctaata tctgggttgc ttctcgaaat gtcaattggc 120
ttgcagcaca ttgtcctcta atatccattc aagcttctta gatgatgaaa catttgc当地 180
atttattaaat ttcatagtg tcagtctcaa ttcttagct ggtcctcat agtaaagttg 240
tctaataatga aatgaaaatg ttctgtgtgt tgcactaata cctttcatg gttgtctata 300

gaacgtcgat gaagagccaa acagaaaacta ttttgggctg cgatttctga taccattgt	360
tctgaatgct ggggtggagc tcatacagaag cttaacaatg ggtcacatata atggagccgg	420
tatgaggaat gctggaaatc agttgcgttt cgcgtgctag gactttcct tctggatt	480
tctgccaca gcccagttga ttacgtgaac tccgtcagac ttggaaagga gagaagtacc	540
caaatagtcgat ctttttagaa atactttgt cacaaaatag cggggtttac agctacagaa	600
gatcatgcag aaggcgtcca gtttagttt tgaagggtgt ttggagttt tttatctaaa	660
gtaaaactaa atcagcttt tgtttatgag ttcaagtgaac tatatgttca aataagactt	720
ccctttgttag atatgtgtt ttttgtgt tgagcactt gtgtgcattt gataaacccc	780
caacgtgtaa tagctaccat acaagagaag taactcgac tgtccatgtc ttatgtggct	840
cgactcagaa agcattcagg gggattgata accaccctcc aaaccaactg aaccattgtg	900
aataaccacc cttaaatca accgagtcct cgtgaaggac aaatatgtgg ttttataac	960
attaaatttt gttttacat gtttcctt acttcttag ttttcttgac catatcttgc	1020
gttttcctt tctgttaattt acacttttct tcaaaccatc cagcaatgtg gaagcttgac	1080
gattttcctt cagagtagaa attgaaaaga atcaactaaa aaggatagtc ctgcatttg	1140
atttccggct taaaaataaa ctaataagaa tgagagagcg aataatagaa tattttgaaa	1200
ttttaagat attcaactat gtttaattgc gttataatt tcttaaatta gtagcaccta	1260
atagtttagt tctcaaaagt caaaaactact acataatgtg ctcattttc acattaaaat	1320
gcctacatga tgtaaaagta aaactcgtag cattctacgt gtttactca actcaaacat	1380
cctgttcatt ttaataaaacg tacatgagc ttctctctcc aattttctt tcttttttt	1440
ttttaaaaaaaa atatttttt ttatataat ccaaattggc tccaaatttat cataaattag	1500
gtagaaaactt agatattaaa gaaagaaaag gtttatctc gcaagtgtgg ctatgggg	1560
acgtgtcaaa ttttggattt tagccaaaca tgagatttga tttaaaggaa attggccaaa	1620
tcacccaaag caggcatctt catcataat tagtttgtt atttatacag aattatacgc	1680
ttttactagt tatagcattc ggtatcttt tctggtaac tgccaaacca ccacaaattt	1740
caagtttcca tttaactctt caacttcaac ccaaccaat ttatttgctt aattgtgcag	1800
aaccactccc tatacttctt aggtgcttc attcggtccg aggtaaagaaa agatttttgt	1860
ttctttgaat gtttatgcc actcgttaa cttctgaggt ttgtggatct tttaggcac	1920
ttttttttt tttgtatgtaa aatttgttt cataaatgtt tctcaacata aatcttgaca	1980

aagagaagga attttaccaa gtat taggt tcagaaatgg ataatttct tactgtgaaa 2040

tatccttatg gcagg tttta ctgtt atttt tcagtaaa 2078

<210> 8

<211> 1342

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> promoter

<222> (1)...(1342)

<223> PDS Promotor

<400> 8
gttttttttg ttgtttagca ctttgtgtgc attggataaa cccccaacgt gtaatagcta 60
ccataacaaga gaagtaactc gcactgtcca tgtcttatgt ggctcgactc agaaagcatt 120
cagggggatt gataaccacc ctccaaacca actgaaccat tgtgaataac cacccttcaa 180
atcaaccgag tcctcgtgaa ggacaaatat gtggttttat atacattaaa ttttgtttt 240
acatgcttcc tcttacttct ttagtttct tgaccatatac ttgcgtttt cccttctgta 300
attgacactt ttcttcaaacc catccagcaa tgtggaagct tgacgatttt ctttcagagt 360
agaaattgaa aagaatcaac taaaaaggat agtccttcga tttgatttcc ggcttaaaaa 420
taaactaata agaatgagag agcgaataat agaatatttt gaaattttaa agatattcaa 480
ctatgttaaa ttgcgttata aatttcttaa attagtagca cctaatagtt tagttctcaa 540
aagtcaaaac tactacataa tgtgctcatt tttcacatta aaatgcctac atgatgtaaa 600
agtaaaactc gtagcattct acgtgtttta ctcaactcaa acatcctgtt cattttataa 660
aacgtacgat gagcttctct ctccaatttt cttttcttt ttttttttaa aaaaatattt 720
ttttttatata caatccaaat gggctccaaat ttatcataaa ttaggtagaa acttagatata 780
taaagaaaaga aaagggttta tctcgcaagt gtggctatgg tgggacgtgt caaatttgg 840
attgttagcca aacatgagat ttgatttaaa gggaaattggc caaatcaccg aaagcaggca 900

tcttcatcat aaatttagttt gtttatttat acagaattat acgctttac tagttatagc	960
attcggtatc tttttctggg taactgccaa accaccacaa atttcaagtt tccatttaac	1020
tcttcaactt caacccaacc aaatttattt gcttaattgt gcagaaccac tccctataatc	1080
ttctagggtgc tttcattcgt tccgaggtaa gaaaagattt ttgtttctt gaatgctta	1140
tgccactcgt ttaacttctg aggtttgtgg atcttttagg cgactttttt tttttttgtta	1200
tgtaaaattt gtttcataaaa tgcttctcaa cataaatctt gacaaagaga aggaatttta	1260
ccaagtattt aggttcagaa atggataatt ttcttactgt gaaatatcct tatggcaggt	1320
tttactgtta tttttcagta aa	1342

<210> 9

<211> 1008

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> promoter

<222> (1)...(1008)

<223> PDS Promotor

<400> 9	
aagcttgacg attttccttc agagtagaaa ttgaaaagaa tcaactaaaa aggatagtc	60
ttcgatttga ttccggctt aaaaataaac taataagaat gagagagcga ataatagaat	120
atttgaaat tttaaagata ttcaactatg ttcaaattgcg ttataaattt cttaaatttag	180
tagcacctaa tagtttagtt ctcaaaagtc aaaactacta cataatcgtg ctcattttc	240
acattaaaat gcctacatga tgtaaaagta aaactcgtag cattctacgt gttttactca	300
actcaaacat cctgttcatt ttaataaaacg tacgatgagc ttctctctcc aattttctt	360
tctttttttt ttttaaaaaa atatttttt ttatatcaat ccaaatgggc tccaaattat	420
cataaaattag gtagaaaacctt agatattaaa gaaagaaaag ggtttatctc gcaagtgtgg	480
ctatggtggg acgtgtcaaa ttttggattt tagccaaaca tgagatttga tttaaaggga	540

atggccaaa tcaccgaaag caggcatctt catcataaat tagttgttt atttatacag	600
aattatacgc ttttactagt tatagcattc ggtatcttt tctggtaac tgccaaacca	660
ccacaaaattt caagttcca tttaactctt caacttcaac ccaaccaaattt ttatggctt	720
aattgtgcag aaccactccc tatacttctt aggtgcttc attcggtccg aggtaagaaa	780
agattttgtt ttcttgaat gcttatgcc actcgtaa cttctgaggt ttgtggatct	840
ttaggcac tttttttttt tttgtatgta aaatttgaaa cataaatgct tctcaacata	900
aatcttgaca aagagaagga atttaccaa gtatggatgt tcagaaatgg ataatttctt	960
tactgtgaaa tatttttttgcaggtttt ctgttatttt tcagtaaa	1008

<210> 10

<211> 2078

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(2078)

<223>

<400> 10		
tttgcagta ttacaacagc ttatatgttg agcaggtaaa agcttcaatg ccctattctt	60	
tctacagtta tcaatgttgc tcgtctaata tctgggttcc ttctcgaaat gtcaattggc	120	
ttgcagcaca ttgtcctcta atatccattc aagcttctta gatgatgaaa catttgcata	180	
atttatataat ttcatagtg tcaatgttgc ttcttttagct gtttcctcat agtaaagttg	240	
tctaataatga aatgaaaatg ttctgtgtgt tgtactaata cctttcatg gttgtctata	300	
gaacgtcgat gaagagccaa acagaaaacta ttttggctg cgatttctga taccattgt	360	
tctgaatgct gggtgggagc tcatcagaag cttaataatg ggtcacatat atggagccga	420	
gtatgaggaa tgctggaaat cagttgtgt tcgcgtgta ggactttcc ttctggat	480	
ttctgcccac agcccagttt attacgtgaa ctccgtcaga cttggaaagg agagaagtac	540	

ccaaatgtcg tctttttaga aatactttg tcacaaaata gcggggttta cagctacaga	600
agatcatgca gaaggcgtcc agtttagttt ttgaagggtg tttggagttt atttatctaa	660
agtaaaactta aatcagcttt ttgttatga gttcagtgaa ctatatgttc aaataagact	720
tcccttgta gaatatgtgt tttttttgt tggtgagcac tttgtgtgca ttggataaac	780
ccccaacgtg taatagctac catacaagag aagtaactcg cactgtccat gtcttatgtg	840
gctcgactca gaaagcattc agggggattt gtaaccaccc tccaaaccaa ctgaaccatt	900
gtgaataacc acccttcaaa tcaaccgagt cctcgtgaag gacaaatatg tggtttata	960
tacattaaat tttgtttta catgcttctt cttaacttctt tagtttctt gaccatatct	1020
tctttttccc ttctgttaatt gacattttct tcaaaccatc cagcaatgtg gaagcttgc	1080
gattttccctt cagagtagaa attgaaaaga atcaactaaa aaggatagtc cttcgatttgc	1140
atttccggct taaaaataaa ctaataagaa tgagagagcg aataatagaa tattttgaaa	1200
ttttaagat attcaactat gttaaattgc gttataaatt tcttaaatta gtagcaccta	1260
atagtttagt tctcaaaagt caaaactact acataatgtg ctcatttttc acattaaaat	1320
gcctacatga tgtaaaagta aaactcgttag cattctacgt gtttactca actcaaaacat	1380
cctgttcatt ttaataaaacg tacgatgagc ttctctctcc aattttctt tcttttttt	1440
ttttaaaaaaa atatttttt ttatataaat ccaaattggc tccaaatttat cataaattag	1500
gtagaaaactt agatattaaa gaaagaaaag gtttatctc gcaagtgtgg ctatggtgg	1560
acgtgtcaaa ttttgattt tagccaaaca tgagatttga tttaaaggga attggccaaa	1620
tcaccgaaag caggcatctt catcataaat tagttgtt atttatacag aattatacgc	1680
ttttactagt tatagcattc ggtatcttt tctggtaac tgccaaacca ccacaaaattt	1740
caagtttcca tttaactctt caacttcaac ccaaccaaattt ttatttgctt aattgtgcag	1800
aaccactccc tatatcttctt aggtgcttcc attcggtccg aggttaagaaa agattttgt	1860
ttctttgaat gctttatgcc actcgtttaa cttctgaggt ttgtggatct tttaggcgac	1920
ttttttttt ttgttatgta aaatttgttt cataaatgtct tctcaacata aatcttgaca	1980
aagagaagga attttaccaa gtatTTAGGT tcagaaatgg ataattttct tactgtgaaa	2040
tatccttatg gcaggttta ctgttatTTT tcagtaaa	2078

<211> 1528

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1528)

<223> CHRC Promotor

 ||
 ||
<400> 11
tacaaattag ggttacttta ttcattttca tccattctct ttattgttaa attttgtaca 60
tttattcaat aatatttatat gtttattaca aattctcaact ttcttattca tacctattca 120
ctcaaggcctt taccatcttc cttttctatt tcaataactat ttctacttca ttttcacgt 180
ttttaacatc tttctttatt tcttgccac ttcgtnnagg gatgcctaatt gtcccaaatt 240
tcatctctcg tagtaacaca aaaccaatgt aatgctactt ctctctacat ttttaataca 300
aataaaagtga aacaaaatat ctataaataa acaaataatat atattttgtt agacgctgtc 360
tcaacccatc aattaaaaaa ttttggata tttctacttt acctactaaa tttgtttctc 420
atatttacct tttAACCCCC aaaaaaaaaa attataaaaa agaaagaaaa aagctaaacc 480
ctatttaaat agctaactat aagatcttaa aattatcctc atcagtgtat agtttaattg 540
gttattaact tataacatta tatatctatg acatataactc tctcctagct atttctcaca 600
ttttttaact taagaaaata gtcataacat agtctaaaat tcaaacatcc acatgctcta 660
atttggattaa caaaaaggta gaaatattta tttaaataaa aaagactaat aaatataataa 720
aatgaatgtt catacgccaga cccattnaga gatgagttatg ctttcacatg ctgagattat 780
tttcaaaaact aagggtttag caatattaaa tcaataaaaat tattataat aacaaaatta 840
acctgctcgt gtttgctgta tatgggaggc tacaaaataa attaaactaa agatgattat 900
gttttagaca ttttttctat ctgtttagt ttatacatat taattcagga gctgcacaac 960
ccaattctat tttcgttcct tggtggctgg gtttctcaca aggttcaata gtcaatattta 1020
ggttttattg gacttttaat agtatcaaac aaatctatgt gtgaacttaa aaattgtatt 1080
aaatatttag ggtaacctgt tgccgtttt agaataatgt ttcttcttaa tacacgaaag 1140

cgtattgtgt attcattcat ttggcgctc acatgcttcg gttggctgc tttagtc	1200
gccttcttg tatattgtac tccccctctt cctatgccac gtgttcttag cttaacaagc	1260
cacgttgcgt gccattgcca aacaagtcat tttaactca caaggccga tttgacc	1320
aaaacaacga caagttccg aacagtgcg aagatcaagg gtataatcgt cttttgaat	1380
tctatttctc ttatattaat agtccctctc gtgtgatagt tttaaaaaga tttttaaaac	1440
gtagctgctg tttaagtaaa tcccagtcct tcagttgtg ctttgtgtg ttttgttct	1500
ctgatttacg gaatttggaa ataattct	1528

<210> 12

<211> 1538

<212> DNA

<213> *Cucumis sativus*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1538)

<223> CHRC Promotor

<400> 12	
tacaaatttag ggtaacttta ttcatattca tccattctct ttattgttaa attttgtaca	60
tttattcaat aatattatat gtttattaca aattctcaact ttcttattca tacctattca	120
ctcaaggcctt taccatcttc ctttctatt tcaataactat ttctacttca ttttcacgt	180
ttttaacatc ttctttatt tcttgcac ttcgtttagg gatgcctaatt gtcccaaatt	240
tcatctctcg tagtaacaca aaaccaatgt aatgctactt ctctctacat tttaataca	300
aataaagtga aacaaaatat ctataaataa acaaataatat atattttgtt agacgctgtc	360
tcaacccatc aattaaaaaa tttgttata ttctacttt acctactaaa tttgttctc	420
atatttacct tttaaccccc aaaaaaaaaa attataaaaaa agaaagaaaa aagctaaacc	480
ctatattaaat agctaactat aagatcttaa aattatcttc atcagtgtat agtttaattg	540
gttattaaact tataacatta tataatctatg acatataactc tctcctagct atttctcaca	600

tttttaact taagaaaata gtcataacat agtctaaaat tcaaacatcc acatgctcta	660
atttgattaa caaaaagtta gaaatattta tttaaataaa aaagactaat aaatatataa	720
aatgaatgtt catacgcaga cccattnaga gatgagtatg cttcacatg ctgagattat	780
tttcaaaact aaggtttag caatattaaa tcaataaaat tattataat aacaaaatta	840
acctgctcggttgcgt tatgggaggc tacaaaataa attaaactaa agatgattat	900
gttttagaca tttttctat ctgtattatgt ttatacatat taattcagga gctgcacaac	960
ccaattctat ttgcgttccct tggtggctgg gtttctcaca agttcaata gtcaatatta	1020
ggttttattg gacttttaat agtatcaaac aaatctatgt gtgaacttaa aaattgtatt	1080
aaatatttag ggtaaccgt tgccgtttt agaataatgt ttcttcttaa tacacgaaag	1140
cgtattgtgt attcattcat ttggcgccctc acatgctcg gttggctcgc tttagtctct	1200
gccttcttg tattttgtac tccccctctt cctatgccac gtgttctgag cttaacaagc	1260
cacgttgcgt gccattgcca aacaagtcat tttaacttca caaggccga tttgacctcc	1320
aaaacaacga caagttccg aacagtcg aagatcaagg gtataatcg tttttgaat	1380
tctatttctc ttatatttaat agtccctctc gtgtgatagt ttttaaaga ttttaaac	1440
gtagctgctg tttaagtaaa tcccagtcct tcagttgtg ctttgcgtg tttgtttct	1500
ctgatttacg gaatttggaa ataattcttc taaaggc	1538

<210> 13

<211> 1525

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> promoter

<222> (1)...(1525)

<223> CHRC Promotor

<400> 13

tacaaatttag gtttacttta ttcattttca tccattctct ttattgttaa attttgtaca	60
--	----

tttattcaat aatattatat gtttattaca aattctcaact ttcttattca tacctattca	120
ctcaaggcctt taccatcttc cttttctatt tcaataactat ttctacttca tttttcacgt	180
tttaacatc tttctttatt tcttgtccac ttgcgtttagg gatgccta at gtcccaaatt	240
tcatctctcg tagtaacaca aaaccaatgt aatgctaccc ctctctacat ttttaataca	300
aataaaagtga aacaaaatat ctataaataa acaaataatat atatttgtt agacgctgtc	360
tcaacccatc aattaaaaaa tttgttata tttctacttt acctactaaa tttgttctc	420
atattnacct tttaaccccc aaaaaaaaa attataaaaa agaaagaaaa aagctaaacc	480
ctattnaat agctagctat aagatcttaa aattatcctc atcagtgtat agtttaattg	540
gttattaact tataacatta tatatctatg acatatactc tctcctagct atttctcaca	600
tttttaact taagaaaata gtcataacat agtctaaaat tcaaacatcc acatgctcta	660
atttgattaa caaaaagata gaaatattta tttaaataaa aaagactaat aaatataaa	720
aatgaatgtt catacgcaga cccattttaga gatgagtgatg ctttcacatg ttgagattat	780
tttcaaaact aagggtttag caatattaaa tcaataaaat tattataaaat aacaaaatta	840
acctgctcgt gtttgctgaa tatgggaggc tacaaaataa attaaactaa agatgattat	900
gttttagaca tttttctat ctgttattgt ttatacatat taattcagga gctgcacaac	960
ccaattctat ttgcgttctt tggtggctgg gtttctcaca aggttcaata gtcaatatta	1020
ggttttattg gacttttaat agtataaat aaatctatgt gtgaacttaa aaattgtatt	1080
aaatatttag ggtaacctgt tgccgtttt agaataatgt ttcttcttaa tacacgaaag	1140
cgtattgtgt attcattcat ttggcgccctc acatgctcgt gttggctcgc tttagtctct	1200
gccttcttg tattttgtac tccccctctt cctatgccac gtgttctgag cttaacaagc	1260
cacgttgcgt gccattgcca aacaagtcat tttaacttca caaggtccga tttgacctcc	1320
aaaacaacga caagttccg aacagtcgca aagatcaagg gtataatcgt cttttgaat	1380
tctatttctc ttattnaat agtccctctc gtgtgatagt ttttaaaga ttttaaaac	1440
gtagctgctg tttaagtaaa tcccagtcct tcagttgtg cttttgtgtg ttttgttct	1500
ctgattnacg gaatttgaa ataat	1525

<210> 14.

<211> 1519

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> promoter

<222> (1)...(1519)

<223> CHRC Promotor

<400> 14	
ttactttattt cattttcatc cattctcttt attgttaaat tttgtacatt tattcaataa	60
tattatatgt ttattacaaa ttctcacttt ctatttcata cctattcaact caagcctta	120
ccatcttcct tttctatttc aatactattt ctacttcatt tttcacgttt ttaacatctt	180
tctttatttc ttgtccactt cgtttaggga tgccataatgt cccaaatttc atctctcgta	240
gtaacacaaa accaatgtaa tgctacctct ctctacattt ttaataacaaa taaagtgaaa	300
caaaatatct ataaataaac aaatatataat attttggtag acgctgtctc aacccatcaa	360
ttaaaaaatt ttgttatatt tctactttac ctactaaattt tgtttctcat atttaccttt	420
taacccccac aaaaaaaaaat tataaaaaag aaagaaaaaa gctaaaccct atttaatag	480
ctagctataa gatctaaaa ttatcctcat cagtgtatag tttaaattgggt tattaactta	540
taacattata tatctatgac atatactctc tcctagctat ttctcacatt ttttaactta	600
agaaaaatgt cataacatag tctaaaattc aaacatccac atgctctaattt ttgattaaca	660
aaaagataga aatattttatt taaataaaaa agactaataa atatataaaa tgaatgtca	720
tacgcagacc cattagaga tgagtatgct ttcacatgtt gagattattt tcaaaactaa	780
ggtttagca atattaaatc aataaaatattt ttataaataa caaaattaac ctgctcggt	840
ttgctgaata tgggaggcta caaaataat taaactaaag atgattatgt tttagacattt	900
ttttctatct gtattagttt atacatatta attcaggagc tgccacaaccc aattctat	960
tcgttccttg gtggctgtgt ttctcacaag gttcaatagt caatattagg ttttattgga	1020
cttttaatag tatcaaataa atctatgtgt gaactaaaa attgtattaa atatttagg	1080
taacctgttg ccgttttag aataatgttt cttcttaata cacgaaagcg tattgttat	1140
tcattcattt ggccctcac atgctcggt tggctcgctt tagtctctgc cttctttgt	1200

ttttgtactc cccctttcc tatgccacgt gttctgagct taacaagcca cgttgcgtgc 1260
 cattGCCaaa caagtcatTT taacttcaca aggtccgatt tgacctccaa aacaacgaca 1320
 agtttccgaa cagtcgcgaa gatcaagggt gtaatcgct ttttgaattc tatttccttt 1380
 tatttaatag tccctctcgT gtgatagTT tttaaagatt tttaaaacgt agctgctgtt 1440
 taagtaaATC ccagtcctTC agtttgcgt tttgtgtgtt ttgtttctct gatttacgga 1500
 atttggaaat aataagcTT 1519

<210> 15

<211> 1771

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (166)..(1155)

<223>

<400> 15
 ggcacgagct tgcacgcaag tcagcgcgca agtcaaca cctgccggtc cacagcctca 60
 aataataaaag agctcaagcg tttgtgcgccc tcgacgtggc cagtcgtcac tgccttgaac 120
 ccgcgagtct cccggccac tgactgccat agcacagcta gacga atg cag cta gca 177
 Met Gln Leu Ala
 1

gcg aca gta atg ttg gag cag ctt acc gga agc gct gag gca ctc aag 225
 Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala Glu Ala Leu Lys
 5 10 15 20

gag aag gag aag gag gtt gca ggc agc tct gac gtg ttg cgt aca tgg 273
 Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val Leu Arg Thr Trp
 25 30 35

gcg acc cag tac tcg ctt ccg tca gaa gag tca gac gcg gcc cgc ccg 321
 Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp Ala Ala Arg Pro
 40 45 50

gga ctg aag aat gcc tac aag cca cca cct tcc gac aca aag ggc atc 369

Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp Thr Lys Gly Ile			
55	60	65	
aca atg gcg cta cgt gtc atc ggc tcc tgg gcc gca gtg ttc ctc cac			417
Thr Met Ala Leu Arg Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala Val Phe Leu His			
70	75	80	
gcc att ttt caa atc aag ctt ccg acc tcc ttg gac cag ctg cac tgg			465
Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp Gln Leu His Trp			
85	90	95	100
ctg ccc gtg tca gat gcc aca gct cag ctg gtt agc ggc acg agc agc			513
Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val Ser Gly Thr Ser Ser			
105	110	115	
ctg ctc gac atc gtc gta ttc ttt gtc ctg gag ttc ctg tac aca			561
Leu Leu Asp Ile Val Val Phe Phe Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr			
120	125	130	
ggc ctt ttt atc acc acg cat gat gct atg cat ggc acc atc gcc atg			609
Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Met			
135	140	145	
aga aac agg cag ctt aat gac ttc ttg ggc aga gta tgc atc tcc ttg			657
Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg Val Cys Ile Ser Leu			
150	155	160	
tac gcc tgg ttt gat tac aac atg ctg cac cgc aag cat tgg gag cac			705
Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg Lys His Trp Glu His			
165	170	175	180
cac aac cac act ggc gag gtg ggc aag gac cct gac ttc cac agg gga			753
His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp Phe His Arg Gly			
185	190	195	
aac cct ggc att gtg ccc tgg ttt gcc agc ttc atg tcc agc tac atg			801
Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met			
200	205	210	
tcg atg tgg cag ttt gcg cgc ctc gca tgg tgg acg gtg gtc atg cag			849
Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp Thr Val Val Met Gln			
215	220	225	
ctg ctg ggt gcg cca atg gcg aac ctg ctg gtg ttc atg gcg gcc gcg			897
Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala			
230	235	240	
ccc atc ctg tcc gcc ttc cgc ttg ttc tac ttt ggc acg tac atg ccc			945
Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Met Pro			
245	250	255	260
cac aag cct gag cct ggc gcc gcg tca ggc tct tca cca gcc gtc atg			993
His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser Pro Ala Val Met			
265	270	275	
aac tgg tgg aag tcg cgc act agc cag gcg tcc gac ctg gtc agc ttt			1041

Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp Leu Val Ser Phe
 280 285 290

ctg acc tgc tac cac ttc gac ctg cac tgg gag cac cac cgc tgg ccc 1089
 Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His His Arg Trp Pro
 295 300 305

ttc gcc ccc tgg tgg gag ctg ccc aac tgc cgc cgc ctg tct ggc cga 1137
 Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg
 310 315 320

ggt ctg gtt cct gcc tag ctggcacacac tgcagtggc cctgctgcca 1185
 Gly Leu Val Pro Ala
 325

gctggcatg caggttgtgg caggactgg tgaggtgaaa agctgcaggc gctgctgccg 1245

gacacgctgc atgggctacc ctgtgtagct gcugccacta ggggagggggg ttttagctg 1305

tcgagcttgc cccatggatg aagctgtgta gtggtgcaagg gagtacaccc acaggccaaac 1365

acccttgcag gagatgtctt gcgtcggag gagttttttt cagttagat gctatgattt 1425

tatcttaatg ctgaagcctt tagggagcg acacttagt ctggcaggc aacgcctgc 1485

aaggtgcagg cacaagctag gctggacgag gactcggtgg caggcaggta aagaggtgcg 1545

ggaggggttgtt gccacaccca ctggcaaga ccatgctgca atgctggcgg tgtggcagt 1605

agagctgcgt gattaactgg gctatggatt gttttagcag tctcaattat tctttgatat 1665

agatactggt caggcaggta aggagagtga gtatgaacaa gttgagaggt ggtgcgcgtc 1725

ccctgcgcctt atgaagctgt aacaataaaag tggttcaaaaa aaaaaaa 1771

<210> 16

<211> 329

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 16

Met Gln Leu Ala Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala
 1 5 10 15

Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val
 20 25 30

22

Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp
35 40 45

Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp
50 55 60

Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Arg Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala
65 70 75 80

Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp
85 90 95

Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val Ser
100 105 110

Gly Thr Ser Ser Leu Leu Asp Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu Glu
115 120 125

Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His Gly
130 135 140

Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg Val
145 150 155 160

Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg Lys
165 170 175

His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp
180 185 190

Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met
195 200 205

Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp Thr
210 215 220

Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val Phe
225 230 235 240

Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly
245 250 255

23

Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser
 260 265 270

Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp
 275 280 285

Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His
 290 295 300

His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg
 305 310 315 320

Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala
 325

<210> 17

<211> 1662

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (168)...(1130)

<223>

<400> 17

cggggcaact caagaaattc aacagctgca agcgccccc agcctcacag cgccaagtga 60

gctatcgacg tggttgtgag cgctcgacgt ggtccactga cgggcctgtg agcctctgcg 120

ctccgtcctc tgccaaatct cgcgtcgggg cctgcctaag tcgaaga atg cac gtc 176
 Met His Val
 1

gca tcg gca cta atg gtc gag cag aaa ggc agt gag gca gct gct tcc 224
 Ala Ser Ala Leu Met Val Glu Gln Lys Gly Ser Glu Ala Ala Ala Ser
 5 10 15

agc cca gac gtc ttg aga gcg tgg gcg aca cag tat cac atg cca tcc 272
 Ser Pro Asp Val Leu Arg Ala Trp Ala Thr Gln Tyr His Met Pro Ser
 20 25 30 35

gag tcg tca gac gca gct cgt cct gcg cta aag cac gcc tac aaa cct Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Ala Leu Lys His Ala Tyr Lys Pro	40	45	50	320
cca gca tct gac gcc aag ggc atc acg atg gcg ctg acc atc att ggc Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr Ile Ile Gly	55	60	65	368
acc tgg acc gca gtg ttt tta cac gca ata ttt caa atc agg cta ccg Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Arg Leu Pro	70	75	80	416
aca tcc atg gac cag ctt cac tgg ttg cct gtg tcc gaa gcc aca gcc Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu Ala Thr Ala	85	90	95	464
cag ctt ttg ggc gga agc agc cta ctg cac atc gct gca gtc ttc Gln Ile Leu Gly Gly Ser Ser Leu Leu His Ile Ala Ala Val Phe	100	105	110	512
att gta ctt gag ttc ctg tac act ggt cta ttc atc acc aca cat gac Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp	120	125	130	560
gca atg cat ggc acc ata gct ttg agg cac agg cag ctc aat gat ctc Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg His Arg Gln Leu Asn Asp Leu	135	140	145	608
ctt ggc aac atc tgc ata tca ctg tac gcc tgg ttt gac tac agc atg Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Ser Met	150	155	160	656
ctg cat cgc aag cac tgg gag cac cac aac cat act ggc gaa gtg ggg Leu His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly	165	170	175	704
aaa gac cct gac ttc cac aag gga aat ccc ggc ctt gtc ccc tgg ttc Lys Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val Pro Trp Phe	180	185	190	752
gcc agc ttc atg tcc agc tac atg tcc ctg tgg cag ttt gcc cggt Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe Ala Arg Leu	200	205	210	800
gca tgg tgg gca gtg gtg atg caa atg ctg ggg gcg ccc atg gca aat Ala Trp Trp Ala Val Val Met Gln Met Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn	215	220	225	848
ctc cta gtc ttc atg gct gca gcc cca atc ttg tca gca ttc cgc ctc Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu	230	235	240	896
ttc tac ttc ggc act tac ctg cca cac aag cct gag cca ggc cct gca Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Pro Ala	245	250	255	944

gca ggc tct cag gtg atg gcc tgg ttc agg gcc aag aca agt gag gca Ala Gly Ser Gln Val Met Ala Trp Phe Arg Ala Lys Thr Ser Glu Ala 260 265 270 275	992
tct gat gtg atg agt ttc ctg aca tgc tac cac ttt gac ctg cac tgg Ser Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp 280 285 290	1040
gag cac cac agg tgg ccc ttt gcc ccc tgg tgg cag ctg ccc cac tgc Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Gln Leu Pro His Cys 295 300 305	1088
cgc cgc ctg tcc ggg cgt ggc ctg gtg cct gcc ttg gca tga Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Leu Ala 310 315 320	1130
cctggccctt ccgctggta cccagcgctc gcacaagagt gtcatgctac agggtgctgc ggccagtggc agcgcagtgc actctcagcc tgtatgggc taccgctgtg ccactgagca ctggccatgc cactgagcac tggcgtgct actgagcaat gggcgtgcta ctgagcaatg ggcgtgctac tgacaatggg cgtgctactg gggctggca gtggcttagga tggagtttg tgcatcagt agcggtggcc aacgtcatgt ggatggtgga agtgcgtgagg ggtttaggca gccggcattt gagagggcta agttataaat cgcatgctgc tcatgcgcac atatctgcac acagccaggg aaatcccttc gagagtgatt atgggacact tgtattggtt tcgtgttatt gttttattca gcagcagtac ttagtgaggg tgagagcagg gtggtgagag tggagtgagt gagtatgaac ctggtcagcg aggtgaacag cctgtaatga atgactctgt ct	1190 1250 1310 1370 1430 1490 1550 1610 1662

<210> 18

<211> 320

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 18

Met His Val Ala Ser Ala Leu Met Val Glu Gln Lys Gly Ser Glu Ala 1 5 10 15
--

Ala Ala Ser Ser Pro Asp Val Leu Arg Ala Trp Ala Thr Gln Tyr His 20 25 30

26

Met Pro Ser Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Ala Leu Lys His Ala
35 40 45

Tyr Lys Pro Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr
50 55 60

Ile Ile Gly Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile
65 70 75 80

Arg Leu Pro Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu
85 90 95 /

Ala Thr Ala Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala
100 105 110

Ala Val Phe Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr
115 120 125

Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg His Arg Gln Leu
130 135 140

Asn Asp Leu Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp
145 150 155 160

Tyr Ser Met Leu His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly
165 170 175

Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val
180 185 190

Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe
195 200 205

Ala Arg Leu Ala Trp Trp Ala Val Val Met Gln Met Leu Gly Ala Pro
210 215 220

Met Ala Asn Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala
225 230 235 240

Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro
245 250 255

27

Gly Pro Ala Ala Gly Ser Gln Val Met Ala Trp Phe Arg Ala Lys Thr
 260 265 270

Ser Glu Ala Ser Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp
 275 280 285

Leu His Trp Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Gln Leu
 290 295 300

Pro His Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Leu Ala
 305 310 315 320

<210> 19

<211> 729

<212> DNA

<213> Agrobacterium aurantiacum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(729)

<223>

<400> 19

atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc acc agc ctg 48
 Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
 1 5 10 15

atc gtc tcg ggc ggc atc atc gcc gct tgg ctg gcc ctg cat gtg cat 96
 Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
 20 25 30

gcg ctg tgg ttt ctg gac gca gcg gcg cat ccc atc ctg gcg atc gca 144
 Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala
 35 40 45

aat ttc ctg ggg ctg acc tgg ctg tcg gtc gga ttg ttc atc atc gcg 192
 Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
 50 55 60

cat gac gcg atg cac ggg tcg gtg ccg ggg cgt ccg cgc gcc aat 240
 His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
 65 70 75 80

gcg gcg atg ggc cag ctt gtc ctg tgg ctg tat gcc gga ttt tcg tgg Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp 85 90 95	288
cgc aag atg atc gtc aag cac atg gcc cat cac cgc cat gcc gga acc Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr 100 105 110	336
gac gac gac ccc gat ttc gac cat ggc ggc ccg gtc cgc tgg tac gcc Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala 115 120 125	384
cgc ttc atc ggc acc tat ttc ggc tgg cgc gag ggg ctg ctg ctg ccc Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro 130 135 140	432
gtc atc gtg acg gtc tat gcg ctg atc ctt ggg gat cgc tgg atg tac Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr 145 150 155 160	480
gtg gtc ttc tgg ccg ctg ccg tcg atc ctg gcg tcg atc cag ctg ttc Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe 165 170 175	528
gtg ttc ggc acc tgg ctg ccg cac cgc ccc ggc cac gac gcg ttc ccg Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro 180 185 190	576
gac cgc cac aat gcg cgg tcg tcg cgg atc agc gac ccc gtg tcg ctg Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu 195 200 205	624
ctg acc tgc ttt cac ttt ggc ggt tat cat cac gaa cac cac ctg cac Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His 210 215 220	672
ccg acg gtg ccg tgg tgg cgc ctg ccc agc acc cgc acc aag ggg gac Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp 225 230 235 240	720
acc gca tga Thr Ala	729

<210> 20

<211> 242

<212> PRT

<213> Agrobacterium aurantiacum

<400> 20

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
1 5 10 15

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala
35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr
100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala
115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
130 135 140

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe
165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro
180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu
195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
210 215 220

Pro	Thr	Val	Pro	Trp	Trp	Arg	Leu	Pro	Ser	Thr	Arg	Thr	Lys	Gly	Asp
225				230						235					240

Thr Ala

<210> 21

<211> 1631

<212> DNA

<213> Alcaligenes sp.

<220>

<221> CDS

<222> (99)..(827)

<223>

<400> 21

ctgcaggccg ggcccgtgg ccaatggtcg caaccggcag gacttggaca ggacggcgaaa 60

ccggctctagg ctgtcgccct acgcagcagg agtttcgg atg tcc gga cgg aag cct 116
Met Ser Gly Arg Lys Pro
1 5

```

ggc aca act ggc gac acg atc gtc aat ctc ggt ctg acc gcc gcg atc      164
Gly Thr Thr Gly Asp Thr Ile Val Asn Leu Gly Leu Thr Ala Ala Ile
          10           15           20

```

ctg ctg tgc tgg ctg gtc ctg cac gcc ttt acg cta tgg ttg cta gat 212
 Leu Leu Cys Trp Leu Val Leu His Ala Phe Thr Leu Trp Leu Leu Asp
 25 30 35

gcg gcc ggc cat ccg ctg ctt gcc gtg ctg tgc ctg gct ggg ctg acc 260
Ala Ala Ala His Pro Leu Leu Ala Val Leu Cys Leu Ala Gly Leu Thr
40 45 50

tgg ctg tcg gtc ggg ctg ttc atc atc gcg cat gac gca atg cac ggg 308
Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Ala Met His Gly
55 60 .. 65 70

tcc gtg gtg ccg ggg cg⁷⁵ g⁸⁰ c⁸⁵ gg³⁵⁶
 Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn Ala Ala Ile Gly Gln Leu

gct ctg tgg ctc tat gct ggg ttc tcg tgg ccc aag ctg atc gcc aag Ala Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp Pro Lys Leu Ile Ala Lys 90 95 100	404
cac atg acg cat cac cgg cac gcc ggc acc gac aac gat ccc gat ttc His Met Thr His His Arg His Ala Gly Thr Asp Asn Asp Pro Asp Phe 105 110 115	452
ggt cac gga ggg ccc gtg cgc tgg tac ggc agc ttc gtc tcc acc tat Gly His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Gly Ser Phe Val Ser Thr Tyr 120 125 130	500
ttc ggc tgg cga gag gga ctg ctg cta ccg gtg atc gtc acc acc tat Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro Val Ile Val Thr Thr Tyr 135 140 145 150	548
gct ctg atc ctg ggc gat cgc tgg atg tat gtc atc ttc tgg ccg gtc Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr Val Ile Phe Trp Pro Val 155 160 165	596
ccg gcc gtt ctg gct tcg atc cag att ttc gtc ttc gga act tgg ctg Pro Ala Val Leu Ala Ser Ile Gln Ile Phe Val Phe Gly Thr Trp Leu 170 175 180	644
ccc cac cgc ccg gga cat gac gat ttt ccc gac cgg cac aac gct agg Pro His Arg Pro Gly His Asp Asp Phe Pro Asp Arg His Asn Ala Arg 185 190 195	692
tcg acc ggc atc ggc gac ccg ttg tca cta ctg acc tgc ttc cat ttc Ser Thr Gly Ile Gly Asp Pro Leu Ser Leu Leu Thr Cys Phe His Phe 200 205 210	740
ggc ggc tat cac cac gaa cat cac ctg cat ccg cat gtg ccg tgg tgg Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His Pro His Val Pro Trp Trp 215 220 225 230	788
cgc ctg cct cgt aca cgc aag acc gga ggc cgc gca tga cgcaattcct Arg Leu Pro Arg Thr Arg Lys Thr Gly Gly Arg Ala 235 240	837
cattgtcggt gcgacagtcc tcgtatggc gctgaccgcc tattccgtcc accgctggat	897
tatgcacggc cccctaggct ggggtggca caagtcccat cacgaagagc acgaccacgc	957
gttggagaag aacgacctct acggcgctgt cttcgccgtg ctggcgacga tcctttcac	1017
cgtggcgcc tattgggtggc cgggtgtgtg gtggatcgcc ctggcatga cggtctatgg	1077
gttgatctat ttcatcctgc acgacggct tgtgcataa cgctggccgt ttcggtatat	1137
tcccgccgg ggctatttcc gcaggctcta ccaagctcat cgcctgcacc acgcggtcga	1197
ggggcgggac cactgcgtca gcttcggctt catctatgcc ccacccgtgg acaagctgaa	1257
gcaggatctg aagcggtcgg gtgtcctgcg cccccaggac gagcgtccgt cgtatctct	1317

gatccggcg tggccgcacg aaatccgacg tgctgctggc agggggccggc cttgccaacg 1377
gactgatcgc gctggcgatc cgcaaggcgc ggccccaccc tcgcgtgctg ctgctggacc 1437
gtgcggcggg cgcctcggac gggcatactt ggtcctgcca cgacaccgat ttggcgccgc 1497
actggctgga ccgcctgaag ccgatcaggc gtggcgactg gcccgcgtc gaggtgcgg 1557
tcccagacca ttcgcgaagg ctccggccg gatatggctc gatgcacggg cgggggctga 1617
tgcggt gacc 1631

<210> 22

<211> 242

<212> PRT

<213> Alcaligenes sp.

<400> 22

Met Ser Gly Arg Lys Pro Gly Thr Thr Gly Asp Thr Ile Val Asn Leu
1 5 10 15

Gly Leu Thr Ala Ala Ile Leu Leu Cys Trp Leu Val Leu His Ala Phe
20 25 30

Thr Leu Trp Leu Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Leu Leu Ala Val Leu
35 40 45

Cys Leu Ala Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
65 70 75 80

Ala Ala Ile Gly Gln Leu Ala Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
85 90 95

Pro Lys Leu Ile Ala Lys His Met Thr His His Arg His Ala Gly Thr
100 105 110

Asp Asn Asp Pro Asp Phe Gly His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Gly
115 120 125

Ser Phe Val Ser Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
130 135 140

Val Ile Val Thr Thr Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
145 150 155 160

Val Ile Phe Trp Pro Val Pro Ala Val Leu Ala Ser Ile Gln Ile Phe
165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Asp Phe Pro
180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Thr Gly Ile Gly Asp Pro Leu Ser Leu
195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
210 215 220

Pro His Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Arg Thr Arg Lys Thr Gly Gly
225 230 235 240

Arg Ala

<210> 23

<211> 729

<212> DNA

<213> Paracoccus marcusii

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(729)

<223>

<400> 23

atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc aca agc ctg

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu			
1	5	10	15
atc gtc tcg ggc ggc atc atc gcc gca tgg ctg gcc ctg cat gtg cat			96
Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His			
20	25	30	
gcg ctg tgg ttt ctg gac gcg ggc cat ccc atc ctg gcg gtc gcg			144
Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Val Ala			
35	40	45	
aat ttc ctg ggg ctg acc tgg ctg tcg gtc gga ttg ttc atc atc gcg			192
Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala			
50	55	60	
cat gac gcg atg cac ggg tcg gtc gtg ccg ggg cgt ccg cgc gcc aat			240
His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn			
65	70	75	80
gcg gcg atg ggc cag ctt gtc ctg tgg ctg tat gcc gga ttt tcg tgg			288
Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp			
85	90	95	
cgc aag atg atc gtc aag cac atg gcc cat cac cgc cat gcc gga acc			336
Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr			
100	105	110	
gac gac gac cca gat ttc gac cat ggc ggc ccg gtc cgc tgg tac gcc			384
Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala			
115	120	125	
cgc ttc atc ggc acc tat ttc ggc tgg cgc gag ggg ctg ctg ctg ccc			432
Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro			
130	135	140	
gtc atc gtg acg gtc tat gcg ctg atc ctg ggg gat cgc tgg atg tac			480
Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr			
145	150	155	160
gtg gtc ttc tgg ccg ttg ccg tcg atc ctg gcg tcg atc cag ctg ttc			528
Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe			
165	170	175	
gtg ttc ggc act tgg ctg ccg cac cgc ccc ggc cac gac gcg ttc ccg			576
Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro			
180	185	190	
gac cgc cat aat gcg ccg tcg tcg cgg atc agc gac cct gtg tcg ctg			624
Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu			
195	200	205	
ctg acc tgc ttt cat ttt ggc ggt tat cat cac gaa cac cac ctg cac			672
Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His			
210	215	220	
ccg acg gtg ccg tgg tgg ccg ctg ccc agc acc cgc acc aag ggg gac			720

35

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
225 230 235 240

acc gca tga 729
Thr Ala

<210> 24

<211> 242

<212> PRT

<213> Paracoccus marcusii

<400> 24

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
1 5 10 15

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Val Ala
35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr
100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala
115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
130 135 140

36

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe
165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro
180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu
195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
210 215 220

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
225 230 235 240

Thr Ala

<210> 25

<211> 1629

<212> DNA

<213> Synechocystis

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1629)

<223>

<400> 25

atg atc acc acc gat gtt gtc att att ggg ggc ggg cac aat ggc tta
Met Ile Thr Thr Asp Val Val Ile Ile Gly Ala Gly His Asn Gly Leu
1 5 10 15

48

gtc tgt gca gcc tat ttg ctc caa cggt ggc ttg ggg gtg acg tta cta
Val Cys Ala Ala Tyr Leu Leu Gln Arg Gly Leu Gly Val Thr Leu Leu
20 25 30

96

gaa aag cgg gaa gta cca ggg ggg gcg gcc acc aca gaa gct ctc atg Glu Lys Arg Glu Val Pro Gly Gly Ala Ala Thr Thr Glu Ala Leu Met 35 40 45	144
ccg gag cta tcc ccc cag ttt cgc ttt aac cgc tgt gcc att gac cac Pro Glu Leu Ser Pro Gln Phe Arg Phe Asn Arg Cys Ala Ile Asp His 50 55 60	192
gaa ttt atc ttt ctg ggg ccg gtg ttg cag gag cta aat tta gcc cag Glu Phe Ile Phe Leu Gly Pro Val Leu Gln Glu Leu Asn Leu Ala Gln 65 70 75 80	240
tat ggt ttg gaa tat tta ttt tgt gac ccc agt gtt ttt tgt ccg ggg Tyr Gly Leu Glu Tyr Leu Phe Cys Asp Pro Ser Val Phe Cys Pro Gly 85 90 95	288
ctg gat ggc caa gct ttt atg agc tac cgt tcc cta gaa aaa acc tgt Leu Asp Gly Gln Ala Phe Met Ser Tyr Arg Ser Leu Glu Lys Thr Cys 100 105 110	336
gcc cac att gcc acc tat agc ccc cga gat gcg gaa aaa tat cgg caa Ala His Ile Ala Thr Tyr Ser Pro Arg Asp Ala Glu Lys Tyr Arg Gln 115 120 125	384
ttt gtc aat tat tgg acg gat ttg ctc aac gct gtc cag cct gct ttt Phe Val Asn Tyr Trp Thr Asp Leu Leu Asn Ala Val Gln Pro Ala Phe 130 135 140	432
aat gct ccg ccc cag gct tta cta gat tta gcc ctg aac tat ggt tgg Asn Ala Pro Pro Gln Ala Leu Leu Asp Leu Ala Leu Asn Tyr Gly Trp 145 150 155 160	480
gaa aac tta aaa tcc gtg ctg gcg atc gcc ggg tcg aaa acc aag gcg Glu Asn Leu Lys Ser Val Leu Ala Ile Ala Gly Ser Lys Thr Lys Ala 165 170 175	528
ttg gat ttt atc cgc act atg atc ggc tcc ccg gaa gat gtg ctc aat Leu Asp Phe Ile Arg Thr Met Ile Gly Ser Pro Glu Asp Val Leu Asn 180 185 190	576
gaa tgg ttc gac agc gaa cgg gtt aaa gct cct tta gct aga cta tgt Glu Trp Phe Asp Ser Glu Arg Val Lys Ala Pro Leu Ala Arg Leu Cys 195 200 205	624
tcg gaa att ggc gct ccc cca tcc caa aag ggt agt agc tcc ggc atg Ser Glu Ile Gly Ala Pro Pro Ser Gln Lys Gly Ser Ser Ser Gly Met 210 215 220	672
atg atg gtg gcc atg cgg cat ttg gag gga att gcc aga cca aaa gga Met Met Val Ala Met Arg His Leu Glu Gly Ile Ala Arg Pro Lys Gly 225 230 235 240	720
ggc act gga gcc ctc aca gaa gcc ttg gtg aag tta gtg caa gcc caa Gly Thr Gly Ala Leu Thr Glu Ala Leu Val Lys Leu Val Gln Ala Gln 245 250 255	768

ggg gga aaa atc ctc act gac caa acc gtc aaa cgg gta ttg gtg gaa Gly Gly Lys Ile Leu Thr Asp Gln Thr Val Lys Arg Val Leu Val Glu 260 265 270	816
aac aac cag gcg atc ggg gtg gag gta gct aac gga gaa cag tac cgg Asn Asn Gln Ala Ile Gly Val Val Ala Asn Gly Glu Gln Tyr Arg 275 280 285	864
gcc aaa aaa ggc gtg att tct aac atc gat gcc cgc cgt tta ttt ttg Ala Lys Lys Gly Val Ile Ser Asn Ile Asp Ala Arg Arg Leu Phe Leu 290 295 300	912
caa ttg gtg gaa ccg ggg gcc cta gcc aag gtg aat caa aac cta ggg Gln Leu Val Glu Pro Gly Ala Leu Ala Lys Val Asn Gln Asn Leu Gly 305 310 315 320	960
gaa cga ctg gaa cgg cgc act gtg aac aat aac gaa gcc att tta aaa Glu Arg Leu Glu Arg Arg Thr Val Asn Asn Asn Glu Ala Ile Leu Lys 325 330 335	1008
atc gat tgt gcc ctc tcc ggt tta ccc cac ttc act gcc atg gcc ggg Ile Asp Cys Ala Leu Ser Gly Leu Pro His Phe Thr Ala Met Ala Gly 340 345 350	1056
ccg gag gat cta acg gga act att ttg att gcc gac tcg gta cgc cat Pro Glu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Leu Ile Ala Asp Ser Val Arg His 355 360 365	1104
gtc gag gaa gcc cac gcc ctc att gcc ttg ggg caa att ccc gat gct Val Glu Glu Ala His Ala Leu Ile Ala Leu Gly Gln Ile Pro Asp Ala 370 375 380	1152
aat ccg tct ttat ttg gat att ccc act gta ttg gac ccc acc atg Asn Pro Ser Leu Tyr Leu Asp Ile Pro Thr Val Leu Asp Pro Thr Met 385 390 395 400	1200
gcc ccc cct ggg cag cac acc ctc tgg atc gaa ttt ttt gcc ccc tac Ala Pro Pro Gly Gln His Thr Leu Trp Ile Glu Phe Phe Ala Pro Tyr 405 410 415	1248
cgc atc gcc ggg ttg gaa ggg aca ggg tta atg ggc aca ggt tgg acc Arg Ile Ala Gly Leu Glu Gly Thr Gly Leu Met Gly Thr Gly Trp Thr 420 425 430	1296
gat gag tta aag gaa aaa gtg gcg gat cgg gtg att gat aaa tta acg Asp Glu Leu Lys Glu Lys Val Ala Asp Arg Val Ile Asp Lys Leu Thr 435 440 445	1344
gac tat gcc cct aac cta aaa tct ctg atc att ggt cgc cga gtg gaa Asp Tyr Ala Pro Asn Leu Lys Ser Leu Ile Ile Gly Arg Arg Val Glu 450 455 460	1392
agt ccc gcc gaa ctg gcc caa cgg ctg gga agt tac aac ggc aat gtc Ser Pro Ala Glu Leu Ala Gln Arg Leu Gly Ser Tyr Asn Gly Asn Val 465 470 475 480	1440

tat cat ctg gat atg agt ttg gac caa atg atg ttc ctc cgg cct cta 1488
 Tyr His Leu Asp Met Ser Leu Asp Gln Met Met Phe Leu Arg Pro Leu
 485 490 495

ccg gaa att gcc aac tac caa acc ccc atc aaa aat ctt tac tta aca 1536
 Pro Glu Ile Ala Asn Tyr Gln Thr Pro Ile Lys Asn Leu Tyr Leu Thr
 500 505 510

ggg gcg ggt acc cat ccc ggt ggc tcc ata tca ggt atg ccc ggt aga 1584
 Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Gly Ser Ile Ser Gly Met Pro Gly Arg
 515 520 525

aat tgc gct cggt gtc ttt tta aaa caa caa cgt cgt ttt tgg taa 1629
 Asn Cys Ala Arg Val Phe Leu Lys Gln Gln Arg Arg Phe Trp
 530 535 540

<210> 26

<211> 542

<212> PRT

<213> Synechocystis

<400> 26

Met Ile Thr Thr Asp Val Val Ile Ile Gly Ala Gly His Asn Gly Leu
 1 5 10 15

Val Cys Ala Ala Tyr Leu Leu Gln Arg Gly Leu Gly Val Thr Leu Leu
 20 25 30

Glu Lys Arg Glu Val Pro Gly Gly Ala Ala Thr Thr Glu Ala Leu Met
 35 40 45

Pro Glu Leu Ser Pro Gln Phe Arg Phe Asn Arg Cys Ala Ile Asp His
 50 55 60

Glu Phe Ile Phe Leu Gly Pro Val Leu Gln Glu Leu Asn Leu Ala Gln
 65 70 75 80

Tyr Gly Leu Glu Tyr Leu Phe Cys Asp Pro Ser Val Phe Cys Pro Gly
 85 90 95

Leu Asp Gly Gln Ala Phe Met Ser Tyr Arg Ser Leu Glu Lys Thr Cys
 100 105 110

Ala His Ile Ala Thr Tyr Ser Pro Arg Asp Ala Glu Lys Tyr Arg Gln
115 120 125

Phe Val Asn Tyr Trp Thr Asp Leu Leu Asn Ala Val Gln Pro Ala Phe
130 135 140

Asn Ala Pro Pro Gln Ala Leu Leu Asp Leu Ala Leu Asn Tyr Gly Trp
145 150 155 160

Glu Asn Leu Lys Ser Val Leu Ala Ile Ala Gly Ser Lys Thr Lys Ala
165 170 175

Leu Asp Phe Ile Arg Thr Met Ile Gly Ser Pro Glu Asp Val Leu Asn
180 185 190

Glu Trp Phe Asp Ser Glu Arg Val Lys Ala Pro Leu Ala Arg Leu Cys
195 200 205

Ser Glu Ile Gly Ala Pro Pro Ser Gln Lys Gly Ser Ser Ser Gly Met
210 215 220

Met Met Val Ala Met Arg His Leu Glu Gly Ile Ala Arg Pro Lys Gly
225 230 235 240

Gly Thr Gly Ala Leu Thr Glu Ala Leu Val Lys Leu Val Gln Ala Gln
245 250 255

Gly Gly Lys Ile Leu Thr Asp Gln Thr Val Lys Arg Val Leu Val Glu
260 265 270

Asn Asn Gln Ala Ile Gly Val Glu Val Ala Asn Gly Glu Gln Tyr Arg
275 280 285

Ala Lys Lys Gly Val Ile Ser Asn Ile Asp Ala Arg Arg Leu Phe Leu
290 295 300

Gln Leu Val Glu Pro Gly Ala Leu Ala Lys Val Asn Gln Asn Leu Gly
305 310 315 320

Glu Arg Leu Glu Arg Arg Thr Val Asn Asn Asn Glu Ala Ile Leu Lys
325 330 335

Ile Asp Cys Ala Leu Ser Gly Leu Pro His Phe Thr Ala Met Ala Gly
340 345 350

Pro Glu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Leu Ile Ala Asp Ser Val Arg His
355 360 365

Val Glu Glu Ala His Ala Leu Ile Ala Leu Gly Gln Ile Pro Asp Ala
370 375 380

Asn Pro Ser Leu Tyr Leu Asp Ile Pro Thr Val Leu Asp Pro Thr Met
385 390 395 400

Ala Pro Pro Gly Gln His Thr Leu Trp Ile Glu Phe Phe Ala Pro Tyr
405 410 415

Arg Ile Ala Gly Leu Glu Gly Thr Gly Leu Met Gly Thr Gly Trp Thr
420 425 430

Asp Glu Leu Lys Glu Lys Val Ala Asp Arg Val Ile Asp Lys Leu Thr
435 440 445

Asp Tyr Ala Pro Asn Leu Lys Ser Leu Ile Ile Gly Arg Arg Val Glu
450 455 460

Ser Pro Ala Glu Leu Ala Gln Arg Leu Gly Ser Tyr Asn Gly Asn Val
465 470 475 480

Tyr His Leu Asp Met Ser Leu Asp Gln Met Met Phe Leu Arg Pro Leu
485 490 495

Pro Glu Ile Ala Asn Tyr Gln Thr Pro Ile Lys Asn Leu Tyr Leu Thr
500 505 510

Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Gly Ser Ile Ser Gly Met Pro Gly Arg
515 520 525

Asn Cys Ala Arg Val Phe Leu Lys Gln Gln Arg Arg Phe Trp
530 535 540

<211> 776

<212> DNA

<213> *Bradyrhizobium* sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (774)

<223>

<400> 27

atg cat gca gca acc gcc aag gct act gag ttc ggg gcc tct cgg cgc
 Met His Ala Ala Thr Ala Lys Ala Thr Glu Phe Gly Ala Ser Arg Arg
 1 5 10 15

48

gac gat gcg agg cag cgc cgc gtc ggt ctc acg ctg gcc gcg gtc atc
 Asp Asp Ala Arg Gln Arg Arg Val Gly Leu Thr Leu Ala Ala Val Ile
 20 25 30

96

atc gcc gcc tgg ctg gtg ctg cat gtc ggt ctg atg ttc ttc tgg ccg
 Ile Ala Ala Trp Leu Val Leu His Val Gly Leu Met Phe Phe Trp Pro
 35 40 45

144

ctg acc ctt cac agc ctg ctg ccg gct ttg cct ctg gtg ctg cag
 Leu Thr Leu His Ser Leu Leu Pro Ala Leu Pro Leu Val Val Leu Gln
 50 55 60

192

acc tgg ctc tat gta ggc ctg ttc atc atc gcg cat gac tgc atg cac
 Thr Trp Leu Tyr Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Cys Met His
 65 70 75 80

240

ggc tcg ctg gtg ccg ttc aag ccg cag gtc aac cgc cgt atc gga cag
 Gly Ser Leu Val Pro Phe Lys Pro Gln Val Asn Arg Arg Ile Gly Gln
 85 90 95

288

ctc tgc ctg ttc ctc tat gcc ggg ttc tcc ttc gac gct ctc aat gtc
 Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Phe Asp Ala Leu Asn Val
 100 105 110

336

gag cac cac aag cat cac cgc cat ccc ggc acg gcc gag gat ccc gat
 Glu His His Lys His His Arg His Pro Gly Thr Ala Glu Asp Pro Asp
 115 120 125

384

ttc gac gag gtg ccg ccg cac ggc ttc tgg cac tgg ttc gcc agc ttt
 Phe Asp Glu Val Pro Pro His Gly Phe Trp His Trp Phe Ala Ser Phe
 130 135 140

432

ttc ctg cac tat ttc ggc tgg aag cag gtc gcg atc atc gca gcc gtc

480

43

Phe Leu His Tyr Phe Gly Trp Lys Gln Val Ala Ile Ile Ala Ala Val			
145	150	155	160
tcg ctg gtt tat cag ctc gtc ttc gcc gtt ccc ttg cag aac atc ctg			528
Ser Leu Val Tyr Gln Leu Val Phe Ala Val Pro Leu Gln Asn Ile Leu			
165	170	175	
ctg ttc tgg gcg ctg ccc ggg ctg ctg tcg gcg ctg cag ctg ttc acc			576
Leu Phe Trp Ala Leu Pro Gly Leu Ser Ala Leu Gln Leu Phe Thr			
180	185	190	
ttc ggc acc tat ctg ccg cac aag ccg gcc acg cag ccc ttc gcc gat			624
Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Ala Thr Gln Pro Phe Ala Asp			
195	200	205	
cgc cac aac gcg cgg acg agc gaa ttt ccc gcg tgg ctg tcg ctg ctg			672
Arg His Asn Ala Arg Thr Ser Glu Phe Pro Ala Trp Leu Ser Leu Leu			
210	215	220	
acc tgc ttc cac ttc ggc ttt cat cac gag cat cat ctg cat ccc gat			720
Thr Cys Phe His Phe Gly Phe His His Glu His His Leu His Pro Asp			
225	230	235	240
gcg ccg tgg tgg cgg ctg ccg gag atc aag cgg cgg gcc ctg gaa agg			768
Ala Pro Trp Trp Arg Leu Pro Glu Ile Lys Arg Arg Ala Leu Glu Arg			
245	250	255	
cgt gac ta			776
Arg Asp			

<210> 28

<211> 258

<212> PRT

<213> *Bradyrhizobium* sp.

<400> 28

Met His Ala Ala Thr Ala Lys Ala Thr Glu Phe Gly Ala Ser Arg Arg		
1	5	10
		15

Asp Asp Ala Arg Gln Arg Arg Val Gly Leu Thr Leu Ala Ala Val Ile		
20	25	30

Ile Ala Ala Trp Leu Val Leu His Val Gly Leu Met Phe Phe Trp Pro		
35	40	45

44

Leu Thr Leu His Ser Leu Leu Pro Ala Leu Pro Leu Val Val Leu Gln
50 55 60

Thr Trp Leu Tyr Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Cys Met His
65 70 75 80

Gly Ser Leu Val Pro Phe Lys Pro Gln Val Asn Arg Arg Ile Gly Gln
85 90 95

Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Phe Asp Ala Leu Asn Val
100 105 110

Glu His His Lys His His Arg His Pro Gly Thr Ala Glu Asp Pro Asp
115 120 125

Phe Asp Glu Val Pro Pro His Gly Phe Trp His Trp Phe Ala Ser Phe
130 135 140

Phe Leu His Tyr Phe Gly Trp Lys Gln Val Ala Ile Ile Ala Ala Val
145 150 155 160

Ser Leu Val Tyr Gln Leu Val Phe Ala Val Pro Leu Gln Asn Ile Leu
165 170 175

Leu Phe Trp Ala Leu Pro Gly Leu Leu Ser Ala Leu Gln Leu Phe Thr
180 185 190

Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Ala Thr Gln Pro Phe Ala Asp
195 200 205

Arg His Asn Ala Arg Thr Ser Glu Phe Pro Ala Trp Leu Ser Leu Leu
210 215 220

Thr Cys Phe His Phe Gly Phe His His Glu His His Leu His Pro Asp
225 230 235 240

Ala Pro Trp Trp Arg Leu Pro Glu Ile Lys Arg Arg Ala Leu Glu Arg
245 250 255

Arg Asp

<210> 29

<211> 777

<212> DNA

<213> Nostoc sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(777)

<223>

<400> 29

atg gtt cag tgt caa cca tca tct ctg cat tca gaa aaa ctg gtg tta
 Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu
 1 5 10 15

48

ttg tca tcg aca atc aga gat gat aaa aat att aat aag ggt ata ttt
 Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe
 20 25 30

96

att gcc tgc ttt atc tta ttt tta tgg gca att agt tta atc tta tta
 Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu
 35 40 45

144

ctc tca ata gat aca tcc ata att cat aag agc tta tta ggt ata gcc
 Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala
 50 55 60

192

atg ctt tgg cag acc ttc tta tat aca ggt tta ttt att act gct cat
 Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
 65 70 75 80

240

gat gcc atg cac ggc gta gtt tat ccc aaa aat ccc aga ata aat aat
 Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn
 85 90 95

288

ttt ata ggt aag ctc act cta atc ttg tat gga cta ctc cct tat aaa
 Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys
 100 105 110

336

gat tta ttg aaa aaa cat tgg tta cac cac gga cat cct ggt act gat
 Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp
 115 120 125

384

tta gac cct gat tat tac aat ggt cat ccc caa aac ttc ttt ctt tgg
 Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp
 130 135 140

432

tat cta cat ttt atg aag tct tat tgg cga tgg acg caa att ttc gga Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly 145 150 155 160	480
tta gtg atg att ttt cat gga ctt aaa aat ctg gtg cat ata cca gaa Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu 165 170 175	528
aat aat tta att ata ttt tgg atg ata cct tct att tta agt tca gta Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val 180 185 190	576
caa cta ttt tat ttt ggt aca ttt ttg cct cat aaa aag cta gaa ggt Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly 195 200 205	624
ggt tat act aac ccc cat tgt gcg cgc agt atc cca tta cct ctt ttt Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe 210 215 220	672
tgg tct ttt gtt act tgt tat cac ttc ggc tac cac aag gaa cat cac Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His 225 230 235 240	720
gaa tac cct caa ctt cct tgg tgg aaa tta cct gaa gct cac aaa ata Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile 245 250 255	768
tct tta taa Ser Leu	777

<210> 30

<211> 258

<212> PRT

<213> Nostoc sp.

<400> 30

Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu 1 5 10 15
--

Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe 20 25 30

Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu 35 40 45

Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala
50 55 60

Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
65 70 75 80

Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn
85 90 95

Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys
100 105 110

Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp
115 120 125

Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp
130 135 140

Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly
145 150 155 160

Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu
165 170 175

Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val
180 185 190

Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly
195 200 205

Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe
210 215 220

Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His
225 230 235 240

Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile
245 250 255

Ser Leu

<210> 31

<211> 831

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(831)

<223>

<400> 31		
atg cca tcc gag tcg tca gac gca gct cgt cct gtg ttg aag cac gcc		48
Met Pro Ser Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Val Leu Lys His Ala		
1 5 10 15		
 tat aaa cct cca gca tct gac gcc aag ggc atc act atg gcg ctg acc		
Tyr Lys Pro Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr		
20 25 30		96
 atc att ggc acc tgg acc gca gtg ttt tta cac gca ata ttc caa atc		
Ile Ile Gly Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile		
35 40 45		144
 agg cta ccg aca tcc atg gac cag ctt cac tgg ttg cct gtg tcc gaa		
Arg Leu Pro Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu		
50 55 60		192
 gcc aca gcc cag ctg ttg ggc gga agc agc agc cta ttg cac atc gcc		
Ala Thr Ala Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala		
65 70 75 80		240
 gca gtc ttc att gta ctt gag ttt ctg tac act ggt cta ttc atc acc		
Ala Val Phe Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr		
85 90 95		288
 acg cat gat gca atg cat ggc acc ata gct ttg agg aac agg cag ctc		
Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg Asn Arg Gln Leu		
100 105 110		336
 aat gat ctc ctt ggc aac atc tgc ata tca ctg tac gcc tgg ttt gac		
Asn Asp Leu Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp		
115 120 125		384
 tac agc atg cac tgg gag cac cac aac cat act ggc gaa gtg ggg aaa		
		432

Tyr Ser Met His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys			
130	135	140	
gac cct gac ttc cac aaa gga aat cct ggc ctt gtc ccc tgg ttc gcc			480
Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val Pro Trp Phe Ala			
145	150	155	160
agc ttc atg tcc agc tac atg tcc ctg tgg cag ttt gcc cgg ctg gca			528
Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala			
165	170	175	
tgg tgg gca gtg gtg atg caa acg ttg ggg gcc ccc atg gcg aat ctc			576
Trp Trp Ala Val Val Met Gln Thr Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu			
180	185	190	
cta gtc ttc atg gct gca gcc cca atc ttg tca gca ttc cgc ctc ttc			624
Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe			
195	200	205	
tac ttc ggc act tac ctg cca cac aag cct gag cca ggc cct gca gca			672
Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Pro Ala Ala			
210	215	220	
ggc tct cag gtc atg tct tgg ttc agg gcc aag aca agt gag gca tct			720
Gly Ser Gln Val Met Ser Trp Phe Arg Ala Lys Thr Ser Glu Ala Ser			
225	230	235	240
gat gtg atg agc ttc ctg aca tgc tac cac ttt gac ctg ttt gcc ccc			768
Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu Phe Ala Pro			
245	250	255	
tgg tgg cag ctg ccc cac tgc cgc cgc ctg tct ggg cgt ggc ctg gtg			816
Trp Trp Gln Leu Pro His Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val			
260	265	270	
cct gcc ttg gca tga			831
Pro Ala Leu Ala			
275			
<210> 32			
<211> 276			
<212> PRT			
<213> Haematococcus pluvialis			
<400> 32			
Met Pro Ser Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Val Leu Lys His Ala			
1	5	10	15

50

Tyr Lys Pro Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr
20 25 30

Ile Ile Gly Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile
35 40 45

Arg Leu Pro Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu
50 55 60

Ala Thr Ala Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala
65 70 75 80

Ala Val Phe Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr
85 90 95

Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg Asn Arg Gln Leu
100 105 110

Asn Asp Leu Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp
115 120 125

Tyr Ser Met His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys
130 135 140

Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val Pro Trp Phe Ala
145 150 155 160

Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala
165 170 175

Trp Trp Ala Val Val Met Gln Thr Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu
180 185 190

Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe
195 200 205

Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Pro Ala Ala
210 215 220

Gly Ser Gln Val Met Ser Trp Phe Arg Ala Lys Thr Ser Glu Ala Ser
225 230 235 240

51

Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu Phe Ala Pro		
245	250	255

Trp Trp Gln Leu Pro His Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val		
260	265	270

Pro Ala Leu Ala	
275	

<210> 33

<211> 729

<212> DNA

<213> Paracoccus sp. MBIC1143

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(729)

<223>

<400> 33

atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc acc agc ctg		48
Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu		
1	5	10
		15

atc gtc tcg ggc ggc atc atc gcc gct tgg ctg gcc ctg cat gtg cat		96
Ile Val Ser Gly Gly Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His		
20	25	30

gcg ctg tgg ttt ctg gac gca gcg gcg cat ccc atc ctg gcg atc gca		144
Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala		
35	40	45

aat ttc ctg ggg ctg acc tgg ctg tcg gtc gga ttg ttc atc atc gcg		192
Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala		
50	55	60

cat gac gcg atg cac ggg tcg gtg ccg ggg cgt ccg cgc gcc aat		240
His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn		
65	70	75
		80

gcg gcg atg ggc cag ctt gtc ctg tgg ctg tat gcc gga ttt tcg tgg		288
Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp		
85	90	95

ccg aag atg atc gtc aag cac atg gcc cat cac cgc cat gcc gga acc Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr 100 105 110	336
gac gac gac ccc gat ttc gac cat ggc ggc cgc gtc cgc tgg tac gcc Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala 115 120 125	384
ccg ttc atc ggc acc tat ttc ggc tgg cgc gag ggg ctg ctg ctg ccc Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro 130 135 140	432
gtc atc gtg acg gtc tat gcg ctg atc ctt ggg gat cgc tgg atg tac Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr 145 150 155 160	480
gtg gtc ttc tgg ccg ctg ccg tcg atc ctg gcg tcg atc cag ctg ttc Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe 165 170 175	528
gtg ttc ggc acc tgg ctg ccg cac cgc ccc ggc cac gac gcg ttc ccg Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro 180 185 190	576
gac cgc cac aat gcg cgg tcg tcg cgg atc agc gac ccc gtg tcg ctg Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu 195 200 205	624
ctg acc tgc ttt cac ttt ggc ggt tat cat cac gaa cac cac ctg cac Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His 210 215 220	672
ccg acg gtg ccg tgg tgg cgc ctg ccc agc acc cgc acc aag ggg gac Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp 225 230 235 240	720
acc gca tga Thr Ala	729

<210> 34

<211> 242

<212> PRT

<213> Paracoccus sp. MBIC1143

<400> 34

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu 1 5 10 15
--

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala
35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr
100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala
115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
130 135 140

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe
165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro
180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu
195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
210 215 220

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
225 230 235 240

Thr Ala

<210> 3.5

<211> 735

<212> DNA

<213> Brevundimonas aurantiaca

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (735)

<223>

<400> 35

atg acc gcc gcc gtc gcc gag cca cgc acc gtc ccg cgc cag acc tgg	48
Met Thr Ala Ala Val Ala Glu Pro Arg Thr Val Pro Arg Gln Thr Trp	
1 5 10 15	

atc ggt ctg acc ctg gcg gga atg atc gtg gcg gga tgg gcg gtt ctg	96
Ile Gly Leu Thr Leu Ala Gly Met Ile Val Ala Gly Trp Ala Val Leu	
20 25 30	

cat gtc tac ggc gtc tat ttt cac cga tgg ggg ccg ttg acc ctg gtg	144
His Val Tyr Gly Val Tyr Phe His Arg Trp Gly Pro Leu Thr Leu Val	
35 40 45	

atc gcc ccg gcg atc gtg gcg gtc cag acc tgg ttg tcg gtc ggc ctt	192
Ile Ala Pro Ala Ile Val Ala Val Gln Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu	
50 55 60	

ttc atc gtc gcc cat gac gcc atg tac ggc tcc ctg gcg ccg gga cgg	240
Phe Ile Val Ala His Asp Ala Met Tyr Gly Ser Leu Ala Pro Gly Arg	
65 70 75 80	

ccg cgg ctg aac gcc gca gtc ggc cgg ctg acc ctg ggg ctc tat gcg	288
Pro Arg Leu Asn Ala Ala Val Gly Arg Leu Thr Leu Gly Leu Tyr Ala	
85 90 95	

ggc ttc cgc ttc gat cgg ctg aag acg gcg cac cac gcc cac cac gcc	336
Gly Phe Arg Phe Asp Arg Leu Lys Thr Ala His His Ala His His Ala	
100 105 110	

gcg ccc ggc acg gcc gac gac ccg gat ttt cac gcc ccg gcg ccc cgc	384
---	-----

Ala Pro Gly Thr Ala Asp Asp Pro Asp Phe His Ala Pro Ala Pro Arg
 115 120 125

gcc ttc ctt ccc tgg ttc ctg aac ttc ttt cgc acc tat ttc ggc tgg 432
 Ala Phe Leu Pro Trp Phe Leu Asn Phe Phe Arg Thr Tyr Phe Gly Trp
 130 135 140

cgc gag atg gcg gtc ctg acc gcc ctg gtc ctg atc gcc ctc ttc ggc 480
 Arg Glu Met Ala Val Leu Thr Ala Leu Val Leu Ile Ala Leu Phe Gly
 145 150 155 160

ctg ggg gcg cgg ccg gcc aat ctc ctg acc ttc tgg gcc gcg ccg gcc 528
 Leu Gly Ala Arg Pro Ala Asn Leu Leu Thr Phe Trp Ala Ala Pro Ala
 165 170 175

ctg ctt tca gcg ctt cag ctc acc ttc ggc acc tgg ctg ccg cac 576
 Leu Leu Ser Ala Leu Gln Leu Phe Thr Phe Gly Thr Trp Leu Pro His
 180 185 190

cgc cac acc gac cag ccg ttc gcc gac gcg cac cac gcc cgc agc agc 624
 Arg His Thr Asp Gln Pro Phe Ala Asp Ala His His Ala Arg Ser Ser
 195 200 205

ggc tac ggc ccc gtg ctt tcc ctg ctc acc tgt ttc cac ttc ggc cgc 672
 Gly Tyr Gly Pro Val Leu Ser Leu Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Arg
 210 215 220

cac cac gaa cac cat ctg agc ccc tgg cgg ccc tgg tgg cgt ctg tgg 720
 His His Glu His His Leu Ser Pro Trp Arg Pro Trp Trp Arg Leu Trp
 225 230 235 240

cgc ggc gag tct tga 735
 Arg Gly Ser

<210> 36

<211> 244

<212> PRT

<213> Brevundimonas aurantiaca

<400> 36

Met Thr Ala Ala Val Ala Glu Pro Arg Thr Val Pro Arg Gln Thr Trp
 1 5 10 15

Ile Gly Leu Thr Leu Ala Gly Met Ile Val Ala Gly Trp Ala Val Leu
 20 25 30

His Val Tyr Gly Val Tyr Phe His Arg Trp Gly Pro Leu Thr Leu Val
35 40 45

Ile Ala Pro Ala Ile Val Ala Val Gln Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu
50 55 60

Phe Ile Val Ala His Asp Ala Met Tyr Gly Ser Leu Ala Pro Gly Arg
65 70 75 80

Pro Arg Leu Asn Ala Ala Val Gly Arg Leu Thr Leu Gly Leu Tyr Ala
85 90 95

Gly Phe Arg Phe Asp Arg Leu Lys Thr Ala His His Ala His His Ala
100 105 110

Ala Pro Gly Thr Ala Asp Asp Pro Asp Phe His Ala Pro Ala Pro Arg
115 120 125

Ala Phe Leu Pro Trp Phe Leu Asn Phe Phe Arg Thr Tyr Phe Gly Trp
130 135 140

Arg Glu Met Ala Val Leu Thr Ala Leu Val Leu Ile Ala Leu Phe Gly
145 150 155 160

Leu Gly Ala Arg Pro Ala Asn Leu Leu Thr Phe Trp Ala Ala Pro Ala
165 170 175

Leu Leu Ser Ala Leu Gln Leu Phe Thr Phe Gly Thr Trp Leu Pro His
180 185 190

Arg His Thr Asp Gln Pro Phe Ala Asp Ala His His Ala Arg Ser Ser
195 200 205

Gly Tyr Gly Pro Val Leu Ser Leu Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Arg
210 215 220

His His Glu His His Leu Ser Pro Trp Arg Pro Trp Trp Arg Leu Trp
225 230 235 240

Arg Gly Glu Ser

<210> 37

<211> 690

<212> DNA

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(690)

<223>

<400> 37

atg gcg atc gcc att att agt ata tgg gct atc agc cta ggt ttg tta
 Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser Leu Gly Leu Leu
 1 5 10 15

48

ctt tat att gat ata tcc caa ttc aag ttt tgg atg ttg tta ccg ctc
 Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Leu
 20 25 30

96

ata ttt tgg caa aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca gct cat
 Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
 35 40 45

144

gat gcc atg cat ggg gta gtt ttt ccc aaa aat ccc aaa atc aac cat
 Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro Lys Ile Asn His
 50 55 60

192

ttc att ggc tca ttg tgc ctg ttt ctt tat ggt ctt tta cct tat caa
 Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln
 65 70 75 80

240

aaa ctt tta aaa aag cat tgg cta cat cac cat aat cca gcc agt gaa
 Lys Leu Leu Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Glu
 85 90 95

288

aca gat cca gat ttt cac aac ggg aag cag aaa aac ttt ttt gct tgg
 Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn Phe Phe Ala Trp
 100 105 110

336

tat tta tat ttt atg aag cgt tac tgg agt tgg tta caa att atc aca
 Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu Gln Ile Ile Thr
 115 120 125

384

tta atg att att tat aac tta cta aaa tat ata tgg cat ttt cca gag
 Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp His Phe Pro Glu
 130 135 140

432

gat aat atg act tat ttt tgg gta gtt ccc tca att tta agt tct tta 480
 Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile Leu Ser Ser Leu
 145 150 155 160

caa tta ttt tat ttt gga act ttt cta ccc cac agt gag cct gta gaa 528
 Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Val Glu
 165 170 . 175

ggt tat aaa gag cct cat cgt tcc caa act att agc cgt ccc att tgg 576
 Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser, Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp
 180 185 190

tgg tca ttt ata act tgt tac cat ttt ggt tat cat tac gaa cat cat 624
Trp Ser Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Tyr Glu His His
195 200 . 205

gaa tac ccc cat gtt cct tgg tgg caa tta cca gaa att tat aaa atg 672
 Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Met
 210 215 220

tct aaa tca aat ttg tga 690
Ser Lys Ser Asn Leu
225

<210> 38

<211> 229

<212> PRT

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<400> 38

Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Leu
20 25 30

Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
 35 40 45

Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro Lys Ile Asn His
50 55 60

Phe	Ile	Gly	Ser	Leu	Cys	Leu	Phe	Leu	Tyr	Gly	Leu	Leu	Pro	Tyr	Gln
65					70				75						80

Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Glu
85 90 95

Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn Phe Phe Ala Trp
100 105 110

Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu Gln Ile Ile Thr
115 120 125

Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp His Phe Pro Glu
130 135 140

Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile Leu Ser Ser Leu
145 150 155 160

Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Val Glu
165 170 175

Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp
180 185 190

Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Tyr Glu His His
195 200 205

Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Met
210 215 220

Ser Lys Ser Asn Leu
225

<210> 39

<211> 789

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<223>

<400> 39

ttg aat ttt tgt gat aaa cca gtt agc tat tat gtt gca ata gag caa 48
 Leu Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln
 1 5 10 15

tta agt gct aaa gaa gat act gtt tgg ggg ctg gtg att gtc ata gta 96
 Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val
 20 25 30

att att agt ctt tgg gta gct agt ttg gct ttt tta cta gct att aat 144
 Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn
 35 40 45

tat gcc aaa gtc cca att tgg ttg ata cct att gca ata gtt tgg caa 192
 Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln
 50 55 60

atg ttc ctt tat aca ggg cta ttt att act gca cat gat gct atg cat 240
 Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

ggg tca gtt tat cgt aaa aat ccc aaa att aat aat ttt atc ggt tca 288
 Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
 85 90 95

cta gct gta gcg ctt tac gct gtg ttt cca tat caa cag atg tta aag 336
 Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
 100 105 110

aat cat tgc tta cat cat cgt cat cct gct agc gaa gtt gac cca gat 384
 Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp
 115 120 125

ttt cat gat ggt aag aga aca aac gct att ttc tgg tat ctc cat ttc 432
 Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
 130 135 140

atg ata gaa tac tcc agt tgg caa cag tta ata gta cta act atc cta 480
 Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
 145 150 155 160

ttt aat tta gct aaa tac gtt ttg cac atc cat caa ata aat ctc atc 528
 Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
 165 170 175

tta ttt tgg agt att cct cca att tta agt tcc att caa ctg ttt tat 576
 Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

ttc gga aca ttt ttg cct cat cga gaa ccc aag aaa gga tat gtt tat 624

61

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
 195 200 205

ccc cat tgc agc caa aca ata aaa ttg cca act ttt ttg tca ttt atc 672
 Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
 210 215 220

gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat cat gag tat ccc cat 720
 Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

gta cct tgg tgg caa ctt cca tct gta tat aag cag aga gta ttc aac 768
 Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
 245 250 255

aat tca gta acc aat tcg taa 789
 Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

<210> 40

<211> 262

<212> PRT

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<400> 40

Leu Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln
 1 5 10 15

Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val
 20 25 30

Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn
 35 40 45

Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln
 50 55 60

Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
 85 90 95

62

Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
100 105 110

Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp
115 120 125

Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
130 135 140

Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
145 150 155 160

Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
165 170 175

Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
195 200 205

Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
210 215 220

Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
225 230 235 240

Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
245 250 255

Asn Ser Val Thr Asn Ser
260

<210> 41

<211> 762

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(762)

<223>

<400> 41

gtg atc cag tta gaa caa cca ctc agt cat caa gca aaa ctg act cca
 Val Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
 1 5 10 15

48

gta ctg aga agt aaa tct cag ttt aag ggg ctt ttc att gct att gtc
 Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
 20 25 30

96

att gtt agc gca tgg gtc att agc ctg agt tta tta ctt tcc ctt gac
 Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Ser Leu Asp
 35 40 45

144

atc tca aag cta aaa ttt tgg atg tta ttg cct gtt ata cta tgg caa
 Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln
 50 55 60

192

aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca tct cat gat gcc atg cat
 Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

240

ggc gta gta ttt ccc caa aac acc aag att aat cat ttg att gga aca
 Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
 85 90 95

288

ttg acc cta tcc ctt tat ggt ctt tta cca tat caa aaa cta ttg aaa
 Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
 100 105 110

336

aaa cat tgg tta cac cac cac aat cca gca agc tca ata gac ccg gat
 Lys His Trp Leu His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp
 115 120 125

384

ttt cac aat ggt aaa cac caa agt ttc ttt gct tgg tat ttt cat ttt
 Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
 130 135 140

432

atg aaa ggt tac tgg agt tgg ggg caa ata att gcg ttg act att att
 Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
 145 150 155 160

480

tat aac ttt gct aaa tac ata ctc cat atc cca agt gat aat cta act
 Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
 165 170 175

528

tac ttt tgg gtg cta ccc tcg ctt tta agt tca tta caa tta ttc tat
 Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

576

ttt ggt act ttt tta ccc cat agt gaa cca ata ggg ggt tat gtt cag 624
Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
195 200 205

cct cat tgt gcc caa aca att agc cgt cct att tgg tgg tca ttt atc
 · Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
 210 215 220

acg tgc tat cat ttt ggc tac cac gag gaa cat cac gaa tat cct cat 720
 Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

att tct tgg tgg cag tta cca gaa att tac aaa gca aaa tag |||
 Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys |||
 245 250

<210> 42

<211> .253

<212> PRT

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<400> 42

Val Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
1 5 10 15

Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
20 25 30

Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp
 35 40 . . . 45

Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln
50 55 60

Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
65 70 75 80

Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
 85 90 95

Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
 100 105 110

Lys His Trp Leu His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp
115 120 125

Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
130 135 140

Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
145 150 155 160

Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
165 170 175

Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
195 200 205

Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
210 215 220

Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
225 230 235 240

Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys
245 250

<210> 43

<211> 1536

<212> DNA

<213> Deinococcus radiodurans R1

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1536)

<223>

<400> 43
atg ccg gat tac gac ctg atc gtc atg ggc ggc ggc cac aac gcg ctg 48
Met Pro Asp Tyr Asp Leu Ile Val Met Gly Ala Gly His Asn Ala Leu
1 5 10 15

gtg act gct gcc tac gcc gcc cg^g ggc ctg aaa gtc ggc gtg ttc 96
Val Thr Ala Ala Tyr Ala Ala Arg Ala Gly Leu Lys Val Gly Val Phe
20 25 30

gag cgg cgg cac ctc gtc ggc ggg ggc gtc agc acc gag gag gtc gtg 144
Glu Arg Arg His Leu Val Gly Gly Ala Val Ser Thr Glu Glu Val Val
35 40 45

ccc ggt tac cgc ttc gac tac ggc ggc agc gcc cac atc ctg att cgg 192
Pro Gly Tyr Arg Phe Asp Tyr Gly Gly Ser Ala His Ile Leu Ile Arg
50 55 60

atg acg ccc atc gtg cgc gaa ctc gaa ctc acg cgg cac ggg ctg cat 240
Met Thr Pro Ile Val Arg Glu Leu Glu Leu Thr Arg His Gly Leu His
65 70 75 80

tac ctc gaa gtg gac cct atg ttt cac gct tcc gac ggt gaa acg ccc 288
Tyr Leu Glu Val Asp Pro Met Phe His Ala Ser Asp Gly Glu Thr Pro
85 90 95

tgg ttc att cac cgc gac gcc ggg cgg acc atc cgc gaa ctg gac gaa 336
Trp Phe Ile His Arg Asp Ala Gly Arg Thr Ile Arg Glu Leu Asp Glu
100 105 110

aag ttt ccc ggg cag ggc gac gcc tac ggg cgc ttt ctc gac gat tgg 384
Lys Phe Pro Gly Gln Gly Asp Ala Tyr Gly Arg Phe Leu Asp Asp Trp
115 120 125

aca ccc ttc gcg cgc gcc gtg gcc gac ctg ttc aac tcg gcg ccc ggg 432
Thr Pro Phe Ala Arg Ala Val Ala Asp Leu Phe Asn Ser Ala Pro Gly
130 135 140

ccg ctc gac ctg ggc aaa atg gtg atg cgc agc ggc cag ggc aag gac 480
Pro Leu Asp Leu Gly Lys Met Val Met Arg Ser Gly Gln Gly Lys Asp
145 150 155 160

tgg aac gag cag ctc ccc cgc atc ctg cgg ccc tac ggc gac gtg gcg 528
Trp Asn Glu Gln Leu Pro Arg Ile Leu Arg Pro Tyr Gly Asp Val Ala
165 170 175

cgc gag tac ttc agc gag gag cgc gtg cgg gct ccc ctg acc tgg atg 576
Arg Glu Tyr Phe Ser Glu Glu Arg Val Arg Ala Pro Leu Thr Trp Met
180 185 190

g^cg g^ccc c^ag a^cg g^c c^cc c^a c^c t^cg g^ac c^c g^c c^c t^tt 624
Ala Ala Gln Ser Gly Pro Pro Pro Ser Asp Pro Leu Ser Ala Pro Phe
195 200 205

ttg ctg tgg cac ccg ctc tac cac gaa ggc ggc gtg gcg cgg ccc aaa 672

Leu Leu Trp His Pro Leu Tyr His Glu Gly Gly Val Ala Arg Pro Lys		
210	215	220
ggc ggc agc ggc ggc ctg acc aaa gcc ctg cgc cgg gcc acc gag gcc		720
Gly Gly Ser Gly Gly Leu Thr Lys Ala Leu Arg Arg Ala Thr Glu Ala		
225	230	235
240		
gaa ggc ggc gag gtc ttc acc gac gcg ccg gtc aag gaa att ctg gtc		768
Glu Gly Gly Glu Val Phe Thr Asp Ala Pro Val Lys Glu Ile Leu Val		
245	250	255
aag gac ggc aag gcg cag ggc atc cgg ctg gaa agc ggc gag acg tac		816
Lys Asp Gly Lys Ala Gln Gly Ile Arg Leu Glu Ser Gly Glu Thr Tyr		
260	265	270
acc gcc cgc gcc gtc gtg tcg ggc gtc cac atc ctg acc act gcg aat		864
Thr Ala Arg Ala Val Val Ser Gly Val His Ile Leu Thr Thr Ala Asn		
275	280	285
gcc ctg ccc gcc gaa tat gtc cct agc gcc gcc agg aat gtg cgc gtg		912
Ala Leu Pro Ala Glu Tyr Val Pro Ser Ala Ala Arg Asn Val Arg Val		
290	295	300
ggc aac ggc ttc ggc atg att ttg cgc ctc gcc ctc agt gaa aaa gtc		960
Gly Asn Gly Phe Gly Met Ile Leu Arg Leu Ala Leu Ser Glu Lys Val		
305	310	315
320		
aaa tac cgt cac cac acc gag ccc gac tca cgc atc ggc ctg gga ttg		1008
Lys Tyr Arg His His Thr Glu Pro Asp Ser Arg Ile Gly Leu Gly Leu		
325	330	335
ctg atc aaa aac gag cgg caa atc atg cag ggc tac ggc gaa tac ctc		1056
Leu Ile Lys Asn Glu Arg Gln Ile Met Gln Gly Tyr Gly Glu Tyr Leu		
340	345	350
gcc ggg cag ccc acc acc gac ccg ccc ctc gtc gcc atg agc ttc agc		1104
Ala Gly Gln Pro Thr Thr Asp Pro Pro Leu Val Ala Met Ser Phe Ser		
355	360	365
gcu gtg gac gac tcg ctc gcc cca ccg aac ggc gac gtg ttg tgg ctg		1152
Ala Val Asp Asp Ser Leu Ala Pro Pro Asn Gly Asp Val Leu Trp Leu		
370	375	380
tgg gcg cag tac tac ccc ttc gag ctc gcc acc ggg agc tgg gaa acg		1200
Trp Ala Gln Tyr Tyr Pro Phe Glu Leu Ala Thr Gly Ser Trp Glu Thr		
385	390	395
400		
cgc acc gcc gaa gcg cgg gag aac atc ctg cgg gcc ttt gag cac tac		1248
Arg Thr Ala Glu Ala Arg Glu Asn Ile Leu Arg Ala Phe Glu His Tyr		
405	410	415
gcu ccg ggc acc cgc gac acg att gtg ggc gaa ctc gtg cag acg ccg		1296
Ala Pro Gly Thr Arg Asp Thr Ile Val Gly Glu Leu Val Gln Thr Pro		
420	425	430
cag tgg ctg gaa acc aac ctc ggc ctg cac cgg ggc aac gtg atg cac		1344

Gln Trp Leu Glu Thr Asn Leu Gly Leu His Arg Gly Asn Val Met His				
435	440	445		
ctg gaa atg tcc ttc gac cag atg ttc tcc ttc cgc ccc tgg ctg aaa				1392
Leu Glu Met Ser Phe Asp Gln Met Phe Ser Phe Arg Pro Trp Leu Lys				
450	455	460		
gcg agc cag tac cgc tgg ccg ggc gtg cag ggg ctg tac ctc acc ggc				1440
Ala Ser Gln Tyr Arg Trp Pro Gly Val Gln Gly Leu Tyr Leu Thr Gly				
465	470	475	480	
gcc agc acc cac ccc ggc gga ggc atc atg ggc gcc tcg gga cgc aac				1488
Ala Ser Thr His Pro Gly Gly Ile Met Gly Ala Ser Gly Arg Asn				
485	490	495		
gcg gcg cggtc atc gtg aag gac ctg acg cgg agg cgc tgg aaa tga				1536
Ala Ala Arg Val Ile Val Lys Asp Leu Thr Arg Arg Arg Trp Lys				
500	505	510		
<210> 44				
<211> 511				
<212> PRT				
<213> Deinococcus radiodurans R1				
<400> 44				
Met Pro Asp Tyr Asp Leu Ile Val Met Gly Ala Gly His Asn Ala Leu				
1	5	10	15	
Val Thr Ala Ala Tyr Ala Ala Arg Ala Gly Leu Lys Val Gly Val Phe				
20	25	30		
Glu Arg Arg His Leu Val Gly Gly Ala Val Ser Thr Glu Glu Val Val				
35	40	45		
Pro Gly Tyr Arg Phe Asp Tyr Gly Gly Ser Ala His Ile Leu Ile Arg				
50	55	60		
Met Thr Pro Ile Val Arg Glu Leu Glu Leu Thr Arg His Gly Leu His				
65	70	75	80	
Tyr Leu Glu Val Asp Pro Met Phe His Ala Ser Asp Gly Glu Thr Pro				
85	90	95		

Trp Phe Ile His Arg Asp Ala Gly Arg Thr Ile Arg Glu Leu Asp Glu
100 105 110

Lys Phe Pro Gly Gln Gly Asp Ala Tyr Gly Arg Phe Leu Asp Asp Trp
115 120 125

Thr Pro Phe Ala Arg Ala Val Ala Asp Leu Phe Asn Ser Ala Pro Gly
130 135 140

Pro Leu Asp Leu Gly Lys Met Val Met Arg Ser Gly Gln Gly Lys Asp
145 150 155 160

Trp Asn Glu Gln Leu Pro Arg Ile Leu Arg Pro Tyr Gly Asp Val Ala
165 170 175

Arg Glu Tyr Phe Ser Glu Glu Arg Val Arg Ala Pro Leu Thr Trp Met
180 185 190

Ala Ala Gln Ser Gly Pro Pro Pro Ser Asp Pro Leu Ser Ala Pro Phe
195 200 205

Leu Leu Trp His Pro Leu Tyr His Glu Gly Gly Val Ala Arg Pro Lys
210 215 220

Gly Gly Ser Gly Gly Leu Thr Lys Ala Leu Arg Arg Ala Thr Glu Ala
225 230 235 240

Glu Gly Gly Glu Val Phe Thr Asp Ala Pro Val Lys Glu Ile Leu Val
245 250 255

Lys Asp Gly Lys Ala Gln Gly Ile Arg Leu Glu Ser Gly Glu Thr Tyr
260 265 270

Thr Ala Arg Ala Val Val Ser Gly Val His Ile Leu Thr Thr Ala Asn
275 280 285

Ala Leu Pro Ala Glu Tyr Val Pro Ser Ala Ala Arg Asn Val Arg Val
290 295 300

Gly Asn Gly Phe Gly Met Ile Leu Arg Leu Ala Leu Ser Glu Lys Val
305 310 315 320

70

Lys Tyr Arg His His Thr Glu Pro Asp Ser Arg Ile Gly Leu Gly Leu
325 330 335

Leu Ile Lys Asn Glu Arg Gln Ile Met Gln Gly Tyr Gly Glu Tyr Leu
340 345 350

Ala Gly Gln Pro Thr Thr Asp Pro Pro Leu Val Ala Met Ser Phe Ser
355 360 365

Ala Val Asp Asp Ser Leu Ala Pro Pro Asn Gly Asp Val Leu Trp Leu
370 375 380

Trp Ala Gln Tyr Tyr Pro Phe Glu Leu Ala Thr Gly Ser Trp Glu Thr
385 390 395 400

Arg Thr Ala Glu Ala Arg Glu Asn Ile Leu Arg Ala Phe Glu His Tyr
405 410 415

Ala Pro Gly Thr Arg Asp Thr Ile Val Gly Glu Leu Val Gln Thr Pro
420 425 430

Gln Trp Leu Glu Thr Asn Leu Gly Leu His Arg Gly Asn Val Met His
435 440 445

Leu Glu Met Ser Phe Asp Gln Met Phe Ser Phe Arg Pro Trp Leu Lys
450 455 460

Ala Ser Gln Tyr Arg Trp Pro Gly Val Gln Gly Leu Tyr Leu Thr Gly
465 470 475 480

Ala Ser Thr His Pro Gly Gly Ile Met Gly Ala Ser Gly Arg Asn
485 490 495

Ala Ala Arg Val Ile Val Lys Asp Leu Thr Arg Arg Arg Trp Lys
500 505 510

<210> 45

<211> 1650

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (112) . . (1614)

<223>

<400> 45

ggcacgagga aacttttctc tcttcactag ctgtttacat gcttgaattt tcaagatttt 60

aggaccccat ttgaagttt cttgaaacaa atattaccct gttggaaaaaa g atg gat 117
Met Asp
1

act ttg ttg aaa acc cca aat aac ctt gaa ttt ctg aac cca cat cat 165
 Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro His His
 5 10 15

ggt ttt gct gtt aaa gct agt acc ttt aga tct gag aag cat cat cat aat 213
 Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His His Asn
 20 25 30

ttt ggt tct agg aag ttt tgt gaa act ttg ggt aga agt gtt tgt gtt 261
 Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val Cys Val
 35 40 45 50

aag ggt agt agt agt gct ctt tta gag ctt gta cct gag acc aaa aag 309
Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr Lys Lys
55 60 65

gag aat ctt gat ttt gag ctt cct atg tat gac cct tca aaa ggg gtt 357
 Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys Gly Val
 70 75 80

gtt gtg gat ctt gct gtg gtt ggt ggt ggc cct gca gga ctt gct gtt 405
Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu Ala Val
85 90 95

gca cag caa gtt tct gaa gca gga ctc tct gtt tgt tca att gat ccg 453
 Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile Asp Pro
 100 105 110

```

aat cct aaa ttg ata tgg cct aat aac tat ggt gtt tgg gtg gat gaa      501
Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val Asp Glu
115          120          125          130

```

ttt gag gct atg gac ttg tta gat tgt cta gat gct acc tgg tct ggt 549
Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp Ser Gly
135 140 145

gca gca gtg tac att gat gat aat acc gct aaa gat ctt cat aga cct 597

Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His Arg Pro
 150 155 160

tat gga agg gtt aac cgg aaa cag ctg aaa tcg aaa atg atg cag aaa 645
 Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met Gln Lys
 165 170 175

tgt ata atg aat ggt gtt aaa ttc cac caa gcc aaa gtt ata aag gtg 693
 Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile Lys Val
 180 185 190

att cat gag gaa tcg aaa tcc atg ttg ata tgc aat gat ggt att act 741
 Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly Ile Thr
 195 200 205 210

att cag gca acg gtg gtg ctc gat gca act ggc ttc tct aga tct ctt 789
 Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg Ser Leu
 215 220 225

gtt cag tat gat aag cct tat aac ccc ggg tat caa gtt gct tat ggc 837
 Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala Tyr Gly
 230 235 240

att ttg gct gaa gtg gaa gag cac ccc ttt gat gta aac aag atg gtt 885
 Ile Leu Ala Glu Val Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys Met Val
 245 250 255

ttc atg gat tgg cga gat tct cat ttg aag aac aat act gat ctc aag 933
 Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp Leu Lys
 260 265 270

gag aga aat agt aga ata cca act ttt ctt tat gca atg cca ttt tca 981
 Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro Phe Ser
 275 280 285 290

tcc aac agg ata ttt ctt gaa gaa aca tca ctc gta gct cgt cct ggc 1029
 Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg Pro Gly
 295 300 305

ttg cgt ata gat gat att caa gaa cga atg gtg gct cgt tta aac cat 1077
 Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu Asn His
 310 315 320

ttg ggg ata aaa gtg aag agc att gaa gaa gat gaa cat tgt cta ata 1125
 Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys Leu Ile
 325 330 335

cca atg ggt ggt cca ctt cca gta tta cct cag aga gtc gtt gga atc 1173
 Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val Gly Ile
 340 345 350

ggt ggt aca gct ggc atg gtt cat cca tcc acc ggt tat atg gtg gca 1221
 Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met Val Ala
 355 360 365 370

agg aca cta gct gcg gct cct gtt gcc aat gcc ata att caa tac 1269

73

Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile Gln Tyr
 375 380 385

ctc ggt tct gaa aga agt cat tcg ggt aat gaa tta tcc aca gct gtt 1317
 Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr Ala Val
 390 395 400

tgg aaa gat ttg tgg cct ata gag agg aga cgt caa aga gag ttc ttc 1365
 Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu Phe Phe
 405 410 415

tgc ttc ggt atg gat att ctt ctg aag ctt gat tta cct gct aca aga 1413
 Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala Thr Arg
 420 425 430

agg ttc ttt gat gca ttc ttt gac tta gaa cct cgt tat tgg cat ggc 1461
 Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp His Gly
 435 440 445 450

ttc tta tcg tct cga ttg ttt cta cct gaa ctc ata gtt ttt ggg ctg 1509
 Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe Gly Leu
 455 460 465

tct cta ttc tct cat gct tca aat act tct aga ttt gag ata atg aca 1557
 Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile Met Thr
 470 475 480

aag gga act gtt cca tta gta aat atg atc aac aat ttg tta cag gat 1605
 Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu Gln Asp
 485 490 495

aaa gaa tga atccgagtaa ttcggaatct tgtccaatct cgtgcc 1650
 Lys Glu
 500

<210> 46

<211> 500

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 46

Met Asp Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro
 1 5 10 15

His His Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His
 20 25 30

His Asn Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val
35 40 45

Cys Val Lys Gly Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr
50 55 60

Lys Lys Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys
65 70 75 80

Gly Val Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Pro Ala Gly Leu
85 90 95

Ala Val Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile
100 105 110

Asp Pro Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val
115 120 125

Asp Glu Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp
130 135 140

Ser Gly Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His
145 150 155 160

Arg Pro Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met
165 170 175

Gln Lys Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile
180 185 190

Lys Val Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly
195 200 205

Ile Thr Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg
210 215 220

Ser Leu Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala
225 230 235 240

Tyr Gly Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys
245 250 255

75

Met Val Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp
260 265 270

Leu Lys Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro
275 280 285

Phe Ser Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg
290 295 300

Pro Gly Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu
305 310 315 320

Asn His Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys
325 330 335

Leu Ile Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val
340 345 350

Gly Ile Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met
355 360 365

Val Ala Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile
370 375 380

Gln Tyr Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr
385 390 395 400

Ala Val Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu
405 410 415

Phe Phe Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala
420 425 430

Thr Arg Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp
435 440 445

His Gly Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe
450 455 460

Gly Leu Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile
465 470 475 480

Met Thr Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu
 485 490 495

Gln Asp Lys Glu
 500

<210> 47

<211> 1666

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1494)

<223>

<400> 47

atg gaa gct ctt ctc aag cct ttt cca tct ctt tta ctt tcc tct cct	48
Met Glu Ala Leu Leu Lys Pro Phe Pro Ser Leu Leu Leu Ser Ser Pro	
1 5 10 15	

aca ccc cat agg tct att ttc caa caa aat ccc tct ttt cta agt ccc	96
Thr Pro His Arg Ser Ile Phe Gln Gln Asn Pro Ser Phe Leu Ser Pro	
20 25 30	

acc acc aaa aaa aaa tca aga aaa tgt ctt ctt aga aac aaa agt agt	144
Thr Thr Lys Lys Ser Arg Lys Cys Leu Leu Arg Asn Lys Ser Ser	
35 40 45	

aaa ctt ttt tgt agc ttt ctt gat tta gca ccc aca tca aag cca gag	192
Lys Leu Phe Cys Ser Phe Leu Asp Leu Ala Pro Thr Ser Lys Pro Glu	
50 55 60	

tct tta gat gtt aac atc tca tgg gtt gat cct aat tcg aat cgg gct	240
Ser Leu Asp Val Asn Ile Ser Trp Val Asp Pro Asn Ser Asn Arg Ala	
65 70 75 80	

caa ttc gac gtg atc att atc gga gct ggc cct gct ggg ctc agg cta	288
Gln Phe Asp Val Ile Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly Leu Arg Leu	
85 90 95	

gct gaa caa gtt tct aaa tat ggt att aag gta tgt tgt gtt gac cct	336
Ala Glu Gln Val Ser Lys Tyr Gly Ile Lys Val Cys Cys Val Asp Pro	
100 105 110	

tca cca ctc tcc atg tgg cca aat aat tat ggt gtt tgg gtt gat gag Ser Pro Leu Ser Met Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val Asp Glu 115 120 125	384
ttt gag aat tta gga ctg gaa aat tgt tta gat cat aaa tgg cct atg Phe Glu Asn Leu Gly Leu Asn Cys Leu Asp His Lys Trp Pro Met 130 135 140	432
act tgt gtg cat ata aat gat aac aaa act aag tat ttg gga aga cca Thr Cys Val His Ile Asn Asp Asn Lys Thr Lys Tyr Leu Gly Arg Pro 145 150 155 160	480
tat ggt aga gtt agt aga aag aag ctg aag ttg aaa ttg ttg aat agt Tyr Gly Arg Val Ser Arg Lys Lys Leu Lys Leu Leu Asn Ser 165 170 175	528
tgt gtt gag aac aga gtg aag ttt tat aaa gct aag gtt tgg aaa gtg Cys Val Glu Asn Arg Val Lys Phe Tyr Lys Ala Lys Val Trp Lys Val 180 185 190	576
gaa cat gaa gaa ttt gag tct tca att gtt tgt gat gat ggt aag aag Glu His Glu Glu Phe Glu Ser Ser Ile Val Cys Asp Asp Gly Lys Lys 195 200 205	624
ata aga ggt agt ttg gtg gat gca agt ggt ttt gct agt gat tat Ile Arg Gly Ser Leu Val Val Asp Ala Ser Gly Phe Ala Ser Asp Phe 210 215 220	672
ata gag tat gac agg cca aga aac cat ggt tat caa att gct cat ggg Ile Glu Tyr Asp Arg Pro Arg Asn His Gly Tyr Gln Ile Ala His Gly 225 230 235 240	720
gtt tta gta gaa gtt gat aat cat cca ttt gat ttg gat aaa atg gtg Val Leu Val Glu Val Asp Asn His Pro Phe Asp Leu Asp Lys Met Val 245 250 255	768
ctt atg gat tgg agg gat tct cat ttg ggt aat gag cca tat tta agg Leu Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Gly Asn Glu Pro Tyr Leu Arg 260 265 270	816
gtg aat aat gct aaa gaa cca aca ttc ttg tat gca atg cca ttt gat Val Asn Asn Ala Lys Glu Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro Phe Asp 275 280 285	864
aga gat ttg gtt ttc ttg gaa gag act tct ttg gtg agt cgt cct gtt Arg Asp Leu Val Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ser Arg Pro Val 290 295 300	912
tta tcg tat atg gaa gta aaa aga agg atg gtg gca aga tta agg cat Leu Ser Tyr Met Glu Val Lys Arg Arg Met Val Ala Arg Leu Arg His 305 310 315 320	960
ttg ggg atc aaa gtg aaa agt gtt att gag gaa gag aaa tgt gtg atc Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Val Ile Glu Glu Glu Lys Cys Val Ile 325 330 335	1008

cct atg gga gga cca ctt ccg cgg att cct caa aat gtt atg gct att Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Arg Ile Pro Gln Asn Val Met Ala Ile 340 345 350	1056
ggt ggg aat tca ggg ata gtt cat cca tca aca ggg tac atg gtg gct Gly Gly Asn Ser Gly Ile Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met Val Ala 355 360 365	1104
agg agc atg gct tta gca cca gta cta gct gaa gcc atc gtc gag ggg Arg Ser Met Ala Leu Ala Pro Val Leu Ala Glu Ala Ile Val Glu Gly 370 375 380	1152
ctt ggc tca aca aga atg ata aga ggg tct caa ctt tac cat aga gtt Leu Gly Ser Thr Arg Met Ile Arg Gly Ser Gln Leu Tyr His Arg Val 385 390 395 400	1200
tgg aat ggt ttg tgg cct ttg gat aga aga tgt gtt aga gaa tgt tat Trp Asn Gly Leu Trp Pro Leu Asp Arg Arg Cys Val Arg Glu Cys Tyr. 405 410 415	1248
tca ttt ggg atg gag aca ttg ttg aag ctt gat ttg aaa ggg act agg Ser Phe Gly Met Glu Thr Leu Leu Lys Leu Asp Leu Lys Gly Thr Arg 420 425 430	1296
aga ttg ttt gac gct ttc ttt gat ctt gat cct aaa tac tgg caa ggg Arg Leu Phe Asp Ala Phe Asp Leu Asp Pro Lys Tyr Trp Gln Gly 435 440 445	1344
ttc ctt tct tca aga ttg tct gtc aaa gaa ctt ggt tta ctc agc ttg Phe Leu Ser Ser Arg Leu Ser Val Lys Glu Leu Gly Leu Leu Ser Leu 450 455 460	1392
tgt ctt ttc gga cat ggc tca aac atg act agg ttg gat att gtt aca Cys Leu Phe Gly His Gly Ser Asn Met Thr Arg Leu Asp Ile Val Thr 465 470 475 480	1440
aaa tgt cct ctt cct ttg gtt aga ctg att ggc aat cta gca ata gag Lys Cys Pro Leu Pro Leu Val Arg Leu Ile Gly Asn Leu Ala Ile Glu 485 490 495	1488
agc ctt tgaatgtgaa aagtttgaa cattttcttc attttaattt ctttgattat Ser Leu	1544
tttcatatattt tctcaattgc aaaagtgaga taagagctac atactgtcaa caaataaact	1604
actattggaa agttaaaaata tgtgtttgtt gtatgttatt ctaatggaa ggattttgtat	1664
aa	1666

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 48

Met Glu Ala Leu Leu Lys Pro Phe Pro Ser Leu Leu Leu Ser Ser Pro
1 5 10 15

Thr Pro His Arg Ser Ile Phe Gln Gln Asn Pro Ser Phe Leu Ser Pro
20 25 30

Thr Thr Lys Lys Ser Arg Lys Cys Leu Leu Arg Asn Lys Ser Ser
35 40 45

Lys Leu Phe Cys Ser Phe Leu Asp Leu Ala Pro Thr Ser Lys Pro Glu
50 55 60

Ser Leu Asp Val Asn Ile Ser Trp Val Asp Pro Asn Ser Asn Arg Ala
65 70 75 80

Gln Phe Asp Val Ile Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly Leu Arg Leu
85 90 95

Ala Glu Gln Val Ser Lys Tyr Gly Ile Lys Val Cys Cys Val Asp Pro
100 105 110

Ser Pro Leu Ser Met Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val Asp Glu
115 120 125

Phe Glu Asn Leu Gly Leu Glu Asn Cys Leu Asp His Lys Trp Pro Met
130 135 140

Thr Cys Val His Ile Asn Asp Asn Lys Thr Lys Tyr Leu Gly Arg Pro
145 150 155 160

Tyr Gly Arg Val Ser Arg Lys Lys Leu Lys Leu Lys Leu Asn Ser
165 170 175

Cys Val Glu Asn Arg Val Lys Phe Tyr Lys Ala Lys Val Trp Lys Val
180 185 190

80

Glu His Glu Glu Phe Glu Ser Ser Ile Val Cys Asp Asp Gly Lys Lys
195 200 205

Ile Arg Gly Ser Leu Val Val Asp Ala Ser Gly Phe Ala Ser Asp Phe
210 215 220

Ile Glu Tyr Asp Arg Pro Arg Asn His Gly Tyr Gln Ile Ala His Gly
225 230 235 240

Val Leu Val Glu Val Asp Asn His Pro Phe Asp Leu Asp Lys Met Val
245 250 255

Leu Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Gly Asn Glu Pro Tyr Leu Arg
260 265 270

Val Asn Asn Ala Lys Glu Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro Phe Asp
275 280 285

Arg Asp Leu Val Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ser Arg Pro Val
290 295 300

Leu Ser Tyr Met Glu Val Lys Arg Arg Met Val Ala Arg Leu Arg His
305 310 315 320

Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Val Ile Glu Glu Glu Lys Cys Val Ile
325 330 335

Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Arg Ile Pro Gln Asn Val Met Ala Ile
340 345 350

Gly Gly Asn Ser Gly Ile Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met Val Ala
355 360 365

Arg Ser Met Ala Leu Ala Pro Val Leu Ala Glu Ala Ile Val Glu Gly
370 375 380

Leu Gly Ser Thr Arg Met Ile Arg Gly Ser Gln Leu Tyr His Arg Val
385 390 395 400

Trp Asn Gly Leu Trp Pro Leu Asp Arg Arg Cys Val Arg Glu Cys Tyr
405 410 415

81

Ser Phe Gly Met Glu Thr Leu Leu Lys Leu Asp Leu Lys Gly Thr Arg
420 425 430

Arg Leu Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Asp Pro Lys Tyr Trp Gln Gly
435 440 445

Phe Leu Ser Ser Arg Leu Ser Val Lys Glu Leu Gly Leu Leu Ser Leu
450 455 460

Cys Leu Phe Gly His Gly Ser Asn Met Thr Arg Leu Asp Ile Val Thr
465 470 475 480

Lys Cys Pro Leu Pro Leu Val Arg Leu Ile Gly Asn Leu Ala Ile Glu
485 490 495

Ser Leu

<210> 49

<211> 1608

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(971)

<223>

<400> 49

ct aca ttt cac aag ccc gtg agc ggt gca agc gct ctg ccc cac atc 47
Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile
1 5 10 15

ggc cca cct cct cat ctc cat cgg tca ttt gct gct acc acg atg ctg 95
Gly Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu
20 25 30

tcg aag ctg cag tca atc agc gtc aag gcc cgc gtc gaa cta gcc 143
Ser Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala
35 40 45

cgc gac atc acg cgg ccc aaa gtc tgc ctg cat gct cag cgg tgc tcg Arg Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser	191
50 55 60	
tta gtt cgg ctg cga gtg gca gca cca cag aca gag gag gcg ctg gga Leu Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly	239
65 70 75	
acc gtg cag gct gcc ggc gcg ggc gat gag cac agc gcc gat gta gca Thr Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala	287
80 85 90 95	
ctc cag cag ctt gac cgg gct atc gca gag cgt cgt gcc cgg cgc aaa Leu Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys	335
100 105 110	
cgg gag cag ctg tca tac cag gct gcc gcc att gca gca tca att ggc Arg Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly	383
115 120 125	
gtg tca ggc att gcc atc ttc gcc acc tac ctg aga ttt gcc atg cac Val Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His	431
130 135 140	
atg acc gtg ggc ggc gca gtg cca tgg ggt gaa gtc gct ggc act ctc Met Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu	479
145 150 155	
ctc ttg gtg gtt ggt ggc gcg ctc ggc atg gag atg tat gcc cgc tat Leu Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr	527
160 165 170 175	
gca cac aaa gcc atc tgg cat gag tcg cct ctg ggc tgg ctg ctg cac Ala His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His	575
180 185 190	
aag agc cac cac aca cct cgc act gga ccc ttt gaa gcc aac gac ttg Lys Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu	623
195 200 205	
ttt gca atc atc aat gga ctg ccc gcc atg ctc ctg tgt acc ttt ggc Phe Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly	671
210 215 220	
ttc tgg ctg ccc aac gtc ctg ggg gcg gcc tgc ttt gga gcg ggg ctg Phe Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu	719
225 230 235	
ggc atc acg cta tac ggc atg gca tat atg ttt gta cac gat ggc ctg Gly Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu	767
240 245 250 255	
gtg cac agg cgc ttt ccc acc ggg ccc atc gct ggc ctg ccc tac atg Val His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met	815
260 265 270	

aag cgc ctg aca gtc gcc cac cag cta cac cac agc ggc aag tac ggt Lys Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly	275 280 285	863
ggc gcg ccc tgg ggt atg ttc ttg ggt cca cag gag ctg cag cac att Gly Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile	290 295 300	911
cca ggt gcg gcg gag gag gtc gtc gaa ctg gac tgg Pro Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp	305 310 315	959
tcc aag cgg tag ggtgcggAAC caggcacgct ggTTTcacac ctcatgcctg Ser Lys Arg	320	1011
tgataaggtg tggctagagc gatcgtgtg agacgggtat gtcacggtcg actggctga		1071
tggccaatgg catcggccat gtctggcat cacgggctgg ttgcctgggt gaaggtgatg		1131
cacatcatca tgtgcggttg gaggggctgg cacagtgtgg gctgaactgg agcagttgtc		1191
caggctggcg ttgaatcagt gagggttgt gattggcggt tgtgaagcaa tgactccgcc		1251
catattctat ttgtgggagc tgagatgatg gcatgcttgg gatgtgcattg gatcatgtta		1311
gtgcagcaaa ctatattcac cttagggctgt tggtaggatc aggtgaggcc ttgcacattg		1371
catgatgtac tcgtcatggt gtgtggtga gaggatggat gtggatggat gtgtattctc		1431
agacgttagac cttgactgga ggcttgatcg agagagtggg ccgtattctt tgagaggga		1491
ggctcgtgcc agaaatggtg agtggatgac tgtgacgctg tacattgcag gcaggtgaga		1551
tgcactgtct cgattgtaaa atacattcag atgcaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaa		1608

<210> 50

<211> 322

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 50

Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile Gly			
1	5	10	15

Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu Ser		
20	25	30

Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala Arg
35 40 45

Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser Leu
50 55 60

Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly Thr
65 70 75 80

Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala Leu
85 90 95

Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys Arg
100 105 110

Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly Val
115 120 125

Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His Met
130 135 140

Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu Leu
145 150 155 160

Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr Ala
165 170 175

His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His Lys
180 185 190

Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu Phe
195 200 205

Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly Phe
210 215 220

Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu Gly
225 230 235 240

Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu Val
245 250 255

His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met Lys
 260 265 270

Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly Gly
 275 280 285

Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile Pro
 290 295 300

Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp Ser
 305 310 315 320

Lys Arg

<210> 51

<211> 1163

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(942)

<223>

<400> 51

att cgg cac gag att tca gcc tcc gct agt tcc cga acc att cgc ctc
 Ile Arg His Glu Ile Ser Ala Ser Ala Ser Ser Arg Thr Ile Arg Leu
 1 5 10 15

48

cgt cat aac ccg ttt ctc agt cca aaa tcc gcc tca acc gcc ccg ccg
 Arg His Asn Pro Phe Leu Ser Pro Lys Ser Ala Ser Thr Ala Pro Pro
 20 25 30

96

gtt ctg ttc ttc tct ccg tta act cgc aat ttt ggc gca att ttg ctg
 Val Leu Phe Phe Ser Pro Leu Thr Arg Asn Phe Gly Ala Ile Leu Leu
 35 40 45

144

tct aga aga aag ccg aga ttg gcg gtt tgt ttt gtg ctg gag aat gag

192

Ser Arg Arg Lys Pro Arg Leu Ala Val Cys Phe Val Leu Glu Asn Glu			
50	55	60	
aaa ttg aat agt act atc gaa agt gag agt gaa gta ata gag gat cgg			240
Lys Leu Asn Ser Thr Ile Glu Ser Glu Ser Glu Val Ile Glu Asp Arg			
65	70	75	80
ata caa gta gag att aat gag gag aag agt tta gct gcc agt tgg ctg			288
Ile Gln Val Glu Ile Asn Glu Glu Lys Ser Leu Ala Ala Ser Trp Leu			
85	90	95	
gcg gag aaa ttg gcg agg aag aaa tcg gag agg ttt act tat ctt gtg			336
Ala Glu Lys Leu Ala Arg Lys Lys Ser Glu Arg Phe Thr Tyr Leu Val			
100	105	110	
gca gct gtg atg tct agt ttg ggg att act tct atg gcg att ttg gcg			384
Ala Ala Val Met Ser Ser Leu Gly Ile Thr Ser Met Ala Ile Leu Ala			
115	120	125	
gtt tat tac aga ttt tca tgg caa atg gag ggt gga gaa gtg cct ttt			432
Val Tyr Tyr Arg Phe Ser Trp Gln Met Glu Gly Gly Glu Val Pro Phe			
130	135	140	
tct gaa atg tta gct aca ttc act ctc tcg ttt ggc gct gcc gta gga			480
Ser Glu Met Leu Ala Thr Phe Thr Leu Ser Phe Gly Ala Ala Val Gly			
145	150	155	160
atg gag tac tgg gcg aga tgg gct cat aga gca cta tgg cat gct tct			528
Met Glu Tyr Trp Ala Arg Trp Ala His Arg Ala Leu Trp His Ala Ser			
165	170	175	
tta tgg cac atg cac gag tcg cac cat aga cca aga gaa gga cct ttt			576
Leu Trp His Met His Glu Ser His His Arg Pro Arg Glu Gly Pro Phe			
180	185	190	
gag atg aac gac gtt ttc gcc ata aca aat gct gtt cca gct ata ggt			624
Glu Met Asn Asp Val Phe Ala Ile Thr Asn Ala Val Pro Ala Ile Gly			
195	200	205	
ctt ctt tcc tac ggt ttc ttc cat aaa ggg atc gtc cct ggc ctc tgt			672
Leu Leu Ser Tyr Gly Phe Phe His Lys Gly Ile Val Pro Gly Leu Cys			
210	215	220	
ttc ggc gct gga ttg ggg atc aca gta ttt ggg atg gct tac atg ttc			720
Phe Gly Ala Gly Leu Gly Ile Thr Val Phe Gly Met Ala Tyr Met Phe			
225	230	235	240
gtt cac gat gga ctg gtt cat aag aga ttt ccc gta ggg cct att gcc			768
Val His Asp Gly Leu Val His Lys Arg Phe Pro Val Gly Pro Ile Ala			
245	250	255	
aac gtg cct tac ttt cgg agg gta gct gca gca cat cag ctt cat cac			816
Asn Val Pro Tyr Phe Arg Arg Val Ala Ala His Gln Leu His His			
260	265	270	
tcg gac aaa ttt gat ggt gtc cca tat ggc ttg ttt cta gga cct aag			864

Ser Asp Lys Phe Asp Gly Val Pro Tyr Gly Leu Phe Leu Gly Pro Lys
 275 280 285

gaa ttg gaa gaa gta gga gga ctt gaa gag tta gaa aag gaa gtc aac
 Glu Leu Glu Glu Val Gly Gly Leu Glu Glu Leu Glu Lys Glu Val Asn
 290 295 300

cga agg att aaa att tct aag gga tta tta tgatcaaaaag atacgtctga
 Arg Arg Ile Lys Ile Ser Lys Gly Leu Leu
 305 310

taataataaa atgcgattgt attaggctg tagattatta ttggaaaaaa gatagaaaaga 1022

tatatatatg aatataatat aaaaatgcaac aagctttcta tggagaagac cttttctttt 1082

ttggcacctg tacgtaaaag gtgaacaatt tgatgtccta gtacttgttg acaaaccaga 1142

agaacgataa ttcaaaaacaa a 1163

<210> 52

<211> 314

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 52

Ile Arg His Glu Ile Ser Ala Ser Ala Ser Ser Arg Thr Ile Arg Leu
 1 5 10 15

Arg His Asn Pro Phe Leu Ser Pro Lys Ser Ala Ser Thr Ala Pro Pro
 20 25 30

Val Leu Phe Phe Ser Pro Leu Thr Arg Asn Phe Gly Ala Ile Leu Leu
 35 40 45

Ser Arg Arg Lys Pro Arg Leu Ala Val Cys Phe Val Leu Glu Asn Glu
 50 55 60

Lys Leu Asn Ser Thr Ile Glu Ser Glu Ser Glu Val Ile Glu Asp Arg
 65 70 75 80

Ile Gln Val Glu Ile Asn Glu Glu Lys Ser Leu Ala Ala Ser Trp Leu
 85 90 95

Ala Glu Lys Leu Ala Arg Lys Lys Ser Glu Arg Phe Thr Tyr Leu Val
100 105 110

Ala Ala Val Met Ser Ser Leu Gly Ile Thr Ser Met Ala Ile Leu Ala
115 120 125

Val Tyr Tyr Arg Phe Ser Trp Gln Met Glu Gly Gly Glu Val Pro Phe
130 135 140

Ser Glu Met Leu Ala Thr Phe Thr Leu Ser Phe Gly Ala Ala Val Gly
145 150 155 160

Met Glu Tyr Trp Ala Arg Trp Ala His Arg Ala Leu Trp His Ala Ser
165 170 175

Leu Trp His Met His Glu Ser His His Arg Pro Arg Glu Gly Pro Phe
180 185 190

Glu Met Asn Asp Val Phe Ala Ile Thr Asn Ala Val Pro Ala Ile Gly
195 200 205

Leu Leu Ser Tyr Gly Phe Phe His Lys Gly Ile Val Pro Gly Leu Cys
210 215 220

Phe Gly Ala Gly Leu Gly Ile Thr Val Phe Gly Met Ala Tyr Met Phe
225 230 235 240

Val His Asp Gly Leu Val His Lys Arg Phe Pro Val Gly Pro Ile Ala
245 250 255

Asn Val Pro Tyr Phe Arg Arg Val Ala Ala Ala His Gln Leu His His
260 265 270

Ser Asp Lys Phe Asp Gly Val Pro Tyr Gly Leu Phe Leu Gly Pro Lys
275 280 285

Glu Leu Glu Glu Val Gly Gly Leu Glu Glu Leu Glu Lys Glu Val Asn
290 295 300

Arg Arg Ile Lys Ile Ser Lys Gly Leu Leu
305 310

<210> 53

<211> 1779

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1779)

<223>

<400> 53

atg gat ctc cgt cgg agg cct cct aaa cca ccg gtt acc aac aac aac	48		
Met Asp Leu Arg Arg Arg Pro Pro Lys Pro Pro Val Thr Asn Asn Asn			
1	5	10	15

aac tcc aac gga tct ttc cgt tct tat cag cct cgc act tcc gat gac	96		
Asn Ser Asn Gly Ser Phe Arg Ser Tyr Gln Pro Arg Thr Ser Asp Asp			
20	25	30	

gat cat cgt cgc cgg gct aca aca att gct cct cca ccg aaa gca tcc	144		
Asp His Arg Arg Arg Ala Thr Thr Ile Ala Pro Pro Pro Lys Ala Ser			
35	40	45	

gac gcg ctt cct ctt ccg tta tat ctc aca aac gcc gtt ttc ttc acg	192		
Asp Ala Leu Pro Leu Pro Leu Tyr Leu Thr Asn Ala Val Phe Phe Thr			
50	55	60	

ctc ttc tcc gtc gcg tat tac ctc ctc cac ccg tgg cgt gac aag	240		
Leu Phe Phe Ser Val Ala Tyr Tyr Leu Leu His Arg Trp Arg. Asp Lys			
65	70	75	80

atc cgt tac aat acg cct ctt cac gtc gtc act atc aca gaa ctc ggc	288		
Ile Arg Tyr Asn Thr Pro Leu His Val Val Thr Ile Thr Glu Leu Gly			
85	90	95	

gcc att att gct ctc atc gct tcg ttt atc tat ctc cta ggg ttt ttt	336		
Ala Ile Ile Ala Leu Ile Ala Ser Phe Ile Tyr Leu Leu Gly Phe Phe			
100	105	110	

ggt att gac ttt gtt cag tca ttt atc tca cgt gcc tct ggt gat gct	384		
Gly Ile Asp Phe Val Gln Ser Phe Ile Ser Arg Ala Ser Gly Asp Ala			
115	120	125	

tgg gat ctc gcc gat acg atc gat gat gac cac ccg ctt gtc acg	432		
Trp Asp Leu Ala Asp Thr Ile Asp Asp Asp His Arg Leu Val Thr			
130	135	140	

tgc tct cca ccg act ccg atc gtt tcc gtt gct aaa tta cct aat ccg Cys Ser Pro Pro Thr Pro Ile Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Asn Pro 145 150 155 160	480
gaa cct att gtt acc gaa tcg ctt cct gag gaa gac gag gag att gtg Glu Pro Ile Val Thr Glu Ser Leu Pro Glu Glu Asp Glu Glu Ile Val 165 170 175	528
aaa tcg gtt atc gac gga gtt att cca tcg tac tcg ctt gaa tct cgt Lys Ser Val Ile Asp Gly Val Ile Pro Ser Tyr Ser Leu Glu Ser Arg 180 185 190	576
ctc ggt gat tgc aaa aga gcg gcg tcg att cgt cgt gag gcg ttg cag Leu Gly Asp Cys Lys Arg Ala Ala Ser Ile Arg Arg Glu Ala Leu Gln 195 200 205	624
aga gtc acc ggg aga tcg att gaa ggg tta ccg ttg gat gga ttt gat Arg Val Thr Gly Arg Ser Ile Glu Gly Leu Pro Leu Asp Gly Phe Asp 210 215 220	672
tat gaa tcg att ttg ggg caa tgc tgt gag atg cct gtt gga tac att Tyr Glu Ser Ile Leu Gly Gln Cys Cys Glu Met Pro Val Gly Tyr Ile 225 230 235 240	720
cag att cct gtt ggg att gct ggt cca ttg ttg ctt gat ggt tat gag Gln Ile Pro Val Gly Ile Ala Gly Pro Leu Leu Leu Asp Gly Tyr Glu 245 250 255	768
tac tct gtt cct atg gct aca acc gaa ggt tgt ttg gtt gct agc act Tyr Ser Val Pro Met Ala Thr Thr Glu Gly Cys Leu Val Ala Ser Thr 260 265 270	816
aac aga ggc tgc aag gct atg ttt atc tct ggt ggc gcc acc agt acc Asn Arg Gly Cys Lys Ala Met Phe Ile Ser Gly Gly Ala Thr Ser Thr 275 280 285	864
gtt ctt aag gac ggt atg acc cga gca cct gtt gtt cggt ttc gct tcg Val Leu Lys Asp Gly Met Thr Arg Ala Pro Val Val Arg Phe Ala Ser 290 295 300	912
gcg aga cga gct tcg gag ctt aag ttt ttc ttg gag aat cca gag aac Ala Arg Arg Ala Ser Glu Leu Lys Phe Phe Leu Glu Asn Pro Glu Asn 305 310 315 320	960
ttt gat act ttg gca gta gtc ttc aac agg tcg agt aga ttt gca aga Phe Asp Thr Leu Ala Val Val Phe Asn Arg Ser Ser Arg Phe Ala Arg 325 330 335	1008
ctg caa agt gtt aaa tgc aca atc gcg ggg aag aat gct tat gta agg Leu Gln Ser Val Lys Cys Thr Ile Ala Gly Lys Asn Ala Tyr Val Arg 340 345 350	1056
ttc tgt tgt agt act ggt gat gct atg ggg atg aat atg gtt tct aaa Phe Cys Cys Ser Thr Gly Asp Ala Met Gly Met Asn Met Val Ser Lys 355 360 365	1104

ggt gtg cag aat gtt ctt gag tat ctt acc gat gat ttc cct gac atg Gly Val Gln Asn Val Leu Glu Tyr Leu Thr Asp Asp Phe Pro Asp Met 370 375 380	1152
gat gtg att gga atc tct ggt aac ttc tgc gac aag aaa cct gct Asp Val Ile Gly Ile Ser Gly Asn Phe Cys Ser Asp Lys Lys Pro Ala 385 390 395 400	1200
gct gtg aac tgg att gag gga cgt ggt aaa tca gtt tgc gag gct Ala Val Asn Trp Ile Glu Gly Arg Gly Lys Ser Val Val Cys Glu Ala 405 410 415	1248
gta atc aga gga gag atc gtg aac aag gtc ttg aaa acg agc gtg gct Val Ile Arg Gly Glu Ile Val Asn Lys Val Leu Lys Thr Ser Val Ala 420 425 430	1296
gct tta gtc gag ctc aac atg ctc aag aac cta gct ggc tct gct gtt Ala Leu Val Glu Leu Asn Met Leu Lys Asn Leu Ala Gly Ser Ala Val 435 440 445	1344
gca ggc tct cta ggt gga ttc aac gct cat gcc agt aac ata gtg tct Ala Gly Ser Leu Gly Gly Phe Asn Ala His Ala Ser Asn Ile Val Ser 450 455 460	1392
gct gta ttc ata gct act ggc caa gat cca gct caa aac gtg gag agt Ala Val Phe Ile Ala Thr Gly Gln Asp Pro Ala Gln Asn Val Glu Ser 465 470 475 480	1440
tct caa tgc atc acc atg atg gaa gct att aat gac ggc aaa gat atc Ser Gln Cys Ile Thr Met Met Glu Ala Ile Asn Asp Gly Lys Asp Ile 485 490 495	1488
cat atc tca gtc act atg cca tct atc gag gtg ggg aca gtg gga gga His Ile Ser Val Thr Met Pro Ser Ile Glu Val Gly Thr Val Gly Gly 500 505 510	1536
gga aca cag ctt gca tct caa tca gcg tgc tta aac ctg ctc gga gtt Gly Thr Gln Leu Ala Ser Gln Ser Ala Cys Leu Asn Leu Leu Gly Val 515 520 525	1584
aaa gga gca agc aca gag tcg ccg gga atg aac gca agg agg cta gcg Lys Gly Ala Ser Thr Glu Ser Pro Gly Met Asn Ala Arg Arg Leu Ala 530 535 540	1632
acg atc gta gcc gga gca gtt tta gct gga gag tta tct tta atg tca Thr Ile Val Ala Gly Ala Val Leu Ala Gly Glu Leu Ser Leu Met Ser 545 550 555 560	1680
gca att gca gct gga cag ctt gtg aga agt cac atg aaa tac aat aga Ala Ile Ala Ala Gly Gln Leu Val Arg Ser His Met Lys Tyr Asn Arg 565 570 575	1728
tcc agc cga gac atc tct gga gca acg aca acg aca aca aca aca Ser Ser Arg Asp Ile Ser Gly Ala Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr 580 585 590	1776

tga

1779

<210> 54

<211> 592

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 54

Met Asp Leu Arg Arg Arg Pro Pro Lys Pro Pro Val Thr Asn Asn Asn
1 5 10 15

Asn Ser Asn Gly Ser Phe Arg Ser Tyr Gln Pro Arg Thr Ser Asp Asp
20 25 30

Asp His Arg Arg Arg Ala Thr Thr Ile Ala Pro Pro Pro Lys Ala Ser
35 40 45.

Asp Ala Leu Pro Leu Pro Leu Tyr Leu Thr Asn Ala Val Phe Phe Thr
50 55 60

Leu Phe Phe Ser Val Ala Tyr Tyr Leu Leu His Arg Trp Arg Asp Lys
65 70 75 80

Ile Arg Tyr Asn Thr Pro Leu His Val Val Thr Ile Thr Glu Leu Gly
85 90 95

Ala Ile Ile Ala Leu Ile Ala Ser Phe Ile Tyr Leu Leu Gly Phe Phe
100 105 110

Gly Ile Asp Phe Val Gln Ser Phe Ile Ser Arg Ala Ser Gly Asp Ala
115 120 125

Trp Asp Leu Ala Asp Thr Ile Asp Asp Asp His Arg Leu Val Thr
130 135 140

Cys Ser Pro Pro Thr Pro Ile Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Asn Pro
145 150 155 160

Glu Pro Ile Val Thr Glu Ser Leu Pro Glu Glu Asp Glu Glu Ile Val
165 170 175

Lys Ser Val Ile Asp Gly Val Ile Pro Ser Tyr Ser Leu Glu Ser Arg
180 185 190

Leu Gly Asp Cys Lys Arg Ala Ala Ser Ile Arg Arg Glu Ala Leu Gln
195 200 205

Arg Val Thr Gly Arg Ser Ile Glu Gly Leu Pro Leu Asp Gly Phe Asp
210 215 220

Tyr Glu Ser Ile Leu Gly Gln Cys Cys Glu Met Pro Val Gly Tyr Ile
225 230 235 240

Gln Ile Pro Val Gly Ile Ala Gly Pro Leu Leu Leu Asp Gly Tyr Glu
245 250 255

Tyr Ser Val Pro Met Ala Thr Thr Glu Gly Cys Leu Val Ala Ser Thr
260 265 270

Asn Arg Gly Cys Lys Ala Met Phe Ile Ser Gly Gly Ala Thr Ser Thr
275 280 285

Val Leu Lys Asp Gly Met Thr Arg Ala Pro Val Val Arg Phe Ala Ser
290 295 300

Ala Arg Arg Ala Ser Glu Leu Lys Phe Phe Leu Glu Asn Pro Glu Asn
305 310 315 320

Phe Asp Thr Leu Ala Val Val Phe Asn Arg Ser Ser Arg Phe Ala Arg
325 330 335

Leu Gln Ser Val Lys Cys Thr Ile Ala Gly Lys Asn Ala Tyr Val Arg
340 345 350

Phe Cys Cys Ser Thr Gly Asp Ala Met Gly Met Asn Met Val Ser Lys
355 360 365

Gly Val Gln Asn Val Leu Glu Tyr Leu Thr Asp Asp Phe Pro Asp Met
370 375 380

Asp Val Ile Gly Ile Ser Gly Asn Phe Cys Ser Asp Lys Lys Pro Ala
385 390 395 400

Ala Val Asn Trp Ile Glu Gly Arg Gly Lys Ser Val Val Cys Glu Ala
405 410 415

Val Ile Arg Gly Glu Ile Val Asn Lys Val Leu Lys Thr Ser Val Ala
420 425 430

Ala Leu Val Glu Leu Asn Met Leu Lys Asn Leu Ala Gly Ser Ala Val
435 440 445

Ala Gly Ser Leu Gly Gly Phe Asn Ala His Ala Ser Asn Ile Val Ser
450 455 460

Ala Val Phe Ile Ala Thr Gly Gln Asp Pro Ala Gln Asn Val Glu Ser
465 470 475 480

Ser Gln Cys Ile Thr Met Met Glu Ala Ile Asn Asp Gly Lys Asp Ile
485 490 495

His Ile Ser Val Thr Met Pro Ser Ile Glu Val Gly Thr Val Gly Gly
500 505 510

Gly Thr Gln Leu Ala Ser Gln Ser Ala Cys Leu Asn Leu Leu Gly Val
515 520 525

Lys Gly Ala Ser Thr Glu Ser Pro Gly Met Asn Ala Arg Arg Leu Ala
530 535 540

Thr Ile Val Ala Gly Ala Val Leu Ala Gly Glu Leu Ser Leu Met Ser
545 550 555 560

Ala Ile Ala Ala Gly Gln Leu Val Arg Ser His Met Lys Tyr Asn Arg
565 570 575

Ser Ser Arg Asp Ile Ser Gly Ala Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr
580 585 590

<210> 55

<211> 1401

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana ISPH

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1401)

<223>

<400> 55

atg gct gtt gcg ctc caa ttc agc cga tta tgc gtt cga ccg gat act
 Met Ala Val Ala Leu Gln Phe Ser Arg Leu Cys Val Arg Pro Asp Thr
 1 5 10 15

48

ttc gtg cggtt gag aat cat ctc tct gga tcc gga tct ctc cgc cgc cgg
 Phe Val Arg Glu Asn His Leu Ser Gly Ser Gly Ser Leu Arg Arg Arg
 20 25 30

96

aaa gct tta tca gtc cgg tgc tgg tct ggc gat gag aac gct cct tcg
 Lys Ala Leu Ser Val Arg Cys Ser Ser Gly Asp Glu Asn Ala Pro Ser
 35 40 45

144

cca tcg gtg gtg atg gac tcc gat ttc gac gcc aag gtg ttc cgt aag
 Pro Ser Val Val Met Asp Ser Asp Phe Asp Ala Lys Val Phe Arg Lys
 50 55 60

192

aac ttg acg aga agc gat aat tac aat cgt aaa ggg ttc ggt cat aag
 Asn Leu Thr Arg Ser Asp Asn Tyr Asn Arg Lys Gly Phe Gly His Lys
 65 70 75 80

240

gag gag aca ctc aag ctc atg aat cga gag tac acc agt gat ata ttg
 Glu Glu Thr Leu Lys Leu Met Asn Arg Glu Tyr Thr Ser Asp Ile Leu
 85 90 95

288

gag aca ctg aaa aca aat ggg tat act tat tct tgg gga gat gtt act
 Glu Thr Leu Lys Thr Asn Gly Tyr Thr Ser Trp Gly Asp Val Thr
 100 105 110

336

gtg aaa ctc gct aaa gca tat ggt ttt tgc tgg ggt gtt gag cgt gct
 Val Lys Leu Ala Lys Ala Tyr Gly Phe Cys Trp Gly Val Glu Arg Ala
 115 120 125

384

gtt cag att gca tat gaa gca cga aag cag ttt cca gag gag agg ctt
 Val Gln Ile Ala Tyr Glu Ala Arg Lys Gln Phe Pro Glu Glu Arg Leu
 130 135 140

432

tgg att act aac gaa atc att cat aac ccg acc gtc aat aag agg ttg
 Trp Ile Thr Asn Glu Ile Ile His Asn Pro Thr Val Asn Lys Arg Leu
 145 150 155 160

480

gaa gat atg gat gtt aaa att att ccg gtt gag gat tca aag aaa cag Glu Asp Met Asp Val Lys Ile Ile Pro Val Glu Asp Ser Lys Lys Gln 165	170	175	528	
ttt gat gta gta gag aaa gat gat gtg gtt atc ctt cct gcg ttt gga Phe Asp Val Val Glu Lys Asp Asp Val Val Ile Leu Pro Ala Phe Gly 180	185	190	576	
gct ggt gtt gac gag atg tat gtt ctt aat gat aaa aag gtg caa att Ala Gly Val Asp Glu Met Tyr Val Leu Asn Asp Lys Lys Val Gln Ile 195	200	205	624	
gtt gac acg act tgt cct tgg gtg aca aag gtc tgg aac acg gtt gag Val Asp Thr Thr Cys Pro Trp Val Thr Lys Val Trp Asn Thr Val Glu 210	215	220	672	
aag cac aag aag ggg gaa tac aca tca gta atc cat ggt aaa tat aat Lys His Lys Lys Gly Glu Tyr Thr Ser Val Ile His Gly Lys Tyr Asn 225	230	235	240	720
cat gaa gag acg att gca act gcg tct ttt gca gga aag tac atc att His Glu Glu Thr Ile Ala Thr Ala Ser Phe Ala Gly Lys Tyr Ile Ile 245	250	255	768	
gta aag aac atg aaa gag gca aat tac gtt tgt gat tac att ctc ggt Val Lys Asn Met Lys Glu Ala Asn Tyr Val Cys Asp Tyr Ile Leu Gly 260	265	270	816	
ggc caa tac gat gga tct agc tcc aca aaa gag gag ttc atg gag aaa Gly Gln Tyr Asp Gly Ser Ser Thr Lys Glu Glu Phe Met Glu Lys 275	280	285	864	
tcc aaa tac gca att tcg aag ggt ttc gat ccc gac aat gac ctt gtc Phe Lys Tyr Ala Ile Ser Lys Gly Phe Asp Pro Asp Asn Asp Leu Val 290	295	300	912	
aaa gtt ggt att gca aac caa aca acg atg cta aag gga gaa aca gag Lys Val Gly Ile Ala Asn Gln Thr Thr Met Leu Lys Gly Glu Thr Glu 305	310	315	320	960
gag ata gga aga tta ctc gag aca aca atg atg cgc aag tat gga gtg Glu Ile Gly Arg Leu Leu Glu Thr Thr Met Met Arg Lys Tyr Gly Val 325	330	335	1008	
gaa aat gta agc gga cat ttc atc agc ttc aac aca ata tgc gac gct Glu Asn Val Ser Gly His Phe Ile Ser Phe Asn Thr Ile Cys Asp Ala 340	345	350	1056	
act caa gag cga caa gac gca atc tat gag cta gtg gaa gag aag att Thr Gln Glu Arg Gln Asp Ala Ile Tyr Glu Leu Val Glu Glu Lys Ile 355	360	365	1104	
gac ctc atg cta gtg gtt ggc gga tgg aat tca agt aac acc tct cac Asp Leu Met Leu Val Val Gly Gly Trp Asn Ser Ser Asn Thr Ser His 370	375	380	1152	

ctt cag gaa atc tca gag gca cg^g gga atc cca tct tac tgg atc gat 1200
 Leu Gln Glu Ile Ser Glu Ala Arg Gly Ile Pro Ser Tyr Trp Ile Asp
 385 390 395 400

agt gag aaa cg^g ata gga cct ggg aat aaa ata gcc tat aag ctc cac 1248
 Ser Glu Lys Arg Ile Gly Pro Gly Asn Lys Ile Ala Tyr Lys Leu His
 405 410 415

tat gga gaa ctg gtc gag aag gaa aac ttt ctc cca aag gga cca ata 1296
 Tyr Gly Glu Leu Val Glu Lys Glu Asn Phe Leu Pro Lys Gly Pro Ile
 420 425 430

aca atc ggt gtg aca tca ggt gca tca acc ccg gat aag gtc gtg gaa 1344
 Thr Ile Gly Val Thr Ser Gly Ala Ser Thr Pro Asp Lys Val Val Glu
 435 440 445

gat gct ttg gtg aag gtg ttc gac att aaa cgt gaa gag tta ttg cag 1392
 Asp Ala Leu Val Lys Val Phe Asp Ile Lys Arg Glu Glu Leu Leu Gln
 450 455 460

ctg gct tga 1401
 Leu Ala
 465

<210> 56

<211> 466

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana* ISPH

<400> 56

Met Ala Val Ala Leu Gln Phe Ser Arg Leu Cys Val Arg Pro Asp Thr
 1 5 10 15

Phe Val Arg Glu Asn His Leu Ser Gly Ser Gly Ser Leu Arg Arg Arg
 20 25 30

Lys Ala Leu Ser Val Arg Cys Ser Ser Gly Asp Glu Asn Ala Pro Ser
 35 40 45

Pro Ser Val Val Met Asp Ser Asp Phe Asp Ala Lys Val Phe Arg Lys
 50 55 60

Asn Leu Thr Arg Ser Asp Asn Tyr Asn Arg Lys Gly Phe Gly His Lys
 65 70 75 80

Glu Glu Thr Leu Lys Leu Met Asn Arg Glu Tyr Thr Ser Asp Ile Leu
85 90 95

Glu Thr Leu Lys Thr Asn Gly Tyr Thr Tyr Ser Trp Gly Asp Val Thr
100 105 110

Val Lys Leu Ala Lys Ala Tyr Gly Phe Cys Trp Gly Val Glu Arg Ala
115 120 125

Val Gln Ile Ala Tyr Glu Ala Arg Lys Gln Phe Pro Glu Glu Arg Leu
130 135 140

Trp Ile Thr Asn Glu Ile Ile His Asn Pro Thr Val Asn Lys Arg Leu
145 150 155 160

Glu Asp Met Asp Val Lys Ile Ile Pro Val Glu Asp Ser Lys Lys Gln
165 170 175

Phe Asp Val Val Glu Lys Asp Asp Val Val Ile Leu Pro Ala Phe Gly
180 185 190

Ala Gly Val Asp Glu Met Tyr Val Leu Asn Asp Lys Lys Val Gln Ile
195 200 205

Val Asp Thr Thr Cys Pro Trp Val Thr Lys Val Trp Asn Thr Val Glu
210 215 220

Lys His Lys Lys Gly Glu Tyr Thr Ser Val Ile His Gly Lys Tyr Asn
225 230 235 240

His Glu Glu Thr Ile Ala Thr Ala Ser Phe Ala Gly Lys Tyr Ile Ile
245 250 255

Val Lys Asn Met Lys Glu Ala Asn Tyr Val Cys Asp Tyr Ile Leu Gly
260 265 270

Gly Gln Tyr Asp Gly Ser Ser Ser Thr Lys Glu Glu Phe Met Glu Lys
275 280 285

Phe Lys Tyr Ala Ile Ser Lys Gly Phe Asp Pro Asp Asn Asp Leu Val
290 295 300

Lys Val Gly Ile Ala Asn Gln Thr Thr Met Leu Lys Gly Glu Thr Glu
305 310 315 320

Glu Ile Gly Arg Leu Leu Glu Thr Thr Met Met Arg Lys Tyr Gly Val
325 330 335

Glu Asn Val Ser Gly His Phe Ile Ser Phe Asn Thr Ile Cys Asp Ala
340 345 350

Thr Gln Glu Arg Gln Asp Ala Ile Tyr Glu Leu Val Glu Glu Lys Ile
355 360 365

Asp Leu Met Leu Val Val Gly Gly Trp Asn Ser Ser Asn Thr Ser His
370 375 380

Leu Gln Glu Ile Ser Glu Ala Arg Gly Ile Pro Ser Tyr Trp Ile Asp
385 390 395 400

Ser Glu Lys Arg Ile Gly Pro Gly Asn Lys Ile Ala Tyr Lys Leu His
405 410 415

Tyr Gly Glu Leu Val Glu Lys Glu Asn Phe Leu Pro Lys Gly Pro Ile
420 425 430

Thr Ile Gly Val Thr Ser Gly Ala Ser Thr Pro Asp Lys Val Val Glu
435 440 445

Asp Ala Leu Val Lys Val Phe Asp Ile Lys Arg Glu Glu Leu Leu Gln
450 455 460

Leu Ala
465

<210> 57

<211> 2160

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

100

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2160)

<223>

<400> 57

```

atg gct ttg tgt gct tat gca ttt cct ggg att ttg aac agg act ggt      48
Met Ala Leu Cys Ala Tyr Ala Phe Pro Gly Ile Leu Asn Arg Thr Gly
1          5                  10                  15

```

gtg gtt tca gat tct tct aag gca acc cct ttg ttc tct gga tgg att 96
 Val Val Ser Asp Ser Ser Lys Ala Thr Pro Leu Phe Ser Gly Trp Ile

 20 25 30

cat gga aca gat ctg cag ttt ttg ttc caa cac aag ctt act cat gag 144
His Gly Thr Asp Leu Gln Phe Leu Phe Gln His Lys Leu Thr His Glu
35 40 45

gtc aag aaa agg tca cgt gtg gtt cag gct tcc tta tca gaa tct gga 192
 Val Lys Lys Arg Ser Arg Val Val Gln Ala Ser Leu Ser Glu Ser Gly
 50 55 60

gaa tac tac aca cag aga ccg cca acg cct att ttg gac act gtg aac 240
 Glu Tyr Tyr Thr Gln Arg Pro Pro Thr Pro Ile Leu Asp Thr Val Asn
 65 70 75 80

tat ccc att cat atg aaa aat ctg tct ctg aag gaa ctt aaa caa cta 288
 Tyr Pro Ile His Met Lys Asn Leu Ser Leu Lys Glu Leu Lys Gln Leu
 85 90 95

```

gca gat gaa cta agg tca gat aca att ttc aat gta tca aag act ggg      336
Ala Asp Glu Leu Arg Ser Asp Thr Ile Phe Asn Val Ser Lys Thr Gly
          100           105           110

```

ggc cac ctt ggc tca agt ctt ggt gtt gtt gag ctg act gtt gct ctt 384
Gly His Leu Gly Ser Ser Leu Gly Val Val Glu Leu Thr Val Ala Leu
115 120 125

cat tat gtc ttc aat gca ccg caa gat agg att ctc tgg gat gtt ggt 432
 His Tyr Val Phe Asn Ala Pro Gln Asp Arg Ile Leu Trp Asp Val Gly
 130 135 140

cat cag tct tat cct cac aaa atc ttg act ggt aga agg gac aag atg 480
 His Gln Ser Tyr Pro His Lys Ile Leu Thr Gly Arg Arg Asp Lys Met
 145 150 155 160

tcg aca tta agg cag aca gat ggt ctt gca gga ttt act aag cga tcg 528
 Ser Thr Leu Arg Gln Thr Asp Gly Leu Ala Gly Phe Thr Lys Arg Ser
 165 170 175

gag agt gaa tat gat tgc ttt ggc acc ggc cac agt tcc acc acc atc 576

101

Glu Ser Glu Tyr Asp Cys Phe Gly Thr Gly His Ser Ser Thr Thr Ile
 180 185 190

tca gca ggc cta ggg atg gct gtt ggt aga gat cta aaa gga aga aac
 Ser Ala Gly Leu Gly Met Ala Val Gly Arg Asp Leu Lys Gly Arg Asn
 195 200 205

aac aat gtt att gcc gta ata ggt gat ggt gcc atg aca gca ggt caa
 Asn Asn Val Ile Ala Val Ile Gly Asp Gly Ala Met Thr Ala Gly Gln
 210 215 220

gct tat gaa gcc atg aat aat gct ggt tac ctg gac tct gac atg att
 Ala Tyr Glu Ala Met Asn Asn Ala Gly Tyr Leu Asp Ser Asp Met Ile
 225 230 235 240

gtt atc tta aac gac aat aga caa gtt tct tta cct act gct act ctg
 Val Ile Leu Asn Asp Asn Arg Gln Val Ser Leu Pro Thr Ala Thr Leu
 245 250 255

gat ggg cca gtt gct cct gtt gga gct cta agt agt gct ttg agc agg
 Asp Gly Pro Val Ala Pro Val Gly Ala Leu Ser Ser Ala Leu Ser Arg
 260 265 270

tta cag tct aat agg cct ctc aga gaa cta aga gaa gtc gca aag gga
 Leu Gln Ser Asn Arg Pro Leu Arg Glu Leu Arg Glu Val Ala Lys Gly
 275 280 285

gtt act aag cag att ggt ggt cct atg cat gag ctt gct gca aaa gtt
 Val Thr Lys Gln Ile Gly Gly Pro Met His Glu Leu Ala Ala Lys Val
 290 295 300

gat gaa tat gct cgt ggc atg att agt ggt tct gga tca aca ttg ttt
 Asp Glu Tyr Ala Arg Gly Met Ile Ser Gly Ser Gly Ser Thr Leu Phe
 305 310 315 320

gaa gaa ctt gga ctt tac tat att ggt cct gtg gat ggt cac aac att
 Glu Glu Leu Gly Leu Tyr Tyr Ile Gly Pro Val Asp Gly His Asn Ile
 325 330 335

gat gat cta att gcg att ctc aaa gag gtt aga agt act aaa aca aca
 Asp Asp Leu Ile Ala Ile Leu Lys Glu Val Arg Ser Thr Lys Thr Thr
 340 345 350

ggt cca gta ctg atc cat gtt gtc act gag aaa ggc aga ggt tat cca
 Gly Pro Val Leu Ile His Val Val Thr Glu Lys Gly Arg Gly Tyr Pro
 355 360 365

tat gct gag aga gct gca gat aag tat cat gga gtt gcc aag ttt gat
 Tyr Ala Glu Arg Ala Ala Asp Lys Tyr His Gly Val Ala Lys Phe Asp
 370 375 380

cca gca aca gga aag caa ttc aaa gcc agt gcc aag aca cag tcc tat
 Pro Ala Thr Gly Lys Gln Phe Lys Ala Ser Ala Lys Thr Gln Ser Tyr
 385 390 395 400

aca aca tat ttt gcc gag gct tta att gca gaa gca gaa gca gat aaa

624

672

720

768

816

864

912

960

1008

1056

1104

1152

1200

1248

102

Thr Thr Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Ile Ala Glu Ala Asp Lys			
405	410	415	
gac att gtt gca atc cat gct gcc atg ggg ggt ggg acc gga atg aac			1296
Asp Ile Val Ala Ile His Ala Ala Met Gly Gly Gly Thr Gly Met Asn			
420	425	430	
ctt ttc cat cgt cgc ttc cca aca agg tgt ttt gat gtt gga ata gca			1344
Leu Phe His Arg Arg Phe Pro Thr Arg Cys Phe Asp Val Gly Ile Ala			
435	440	445	
gaa caa cat gca gta acc ttt gct gct gga ttg gct tgt gaa ggc att			1392
Glu Gln His Ala Val Thr Phe Ala Ala Gly Leu Ala Cys Glu Gly Ile			
450	455	460	
aaa cct ttc tgt gca atc tat tcg tct ttc atg cag agg gct tat gac			1440
Lys Pro Phe Cys Ala Ile Tyr Ser Ser Phe Met Gln Arg Ala Tyr Asp			
465	470	475	480
cag gta gtg cat gac gtt gat ttg caa aag ctg ccc gtg agg ttt gca			1488
Gln Val Val His Asp Val Asp Leu Gln Lys Leu Pro Val Arg Phe Ala			
485	490	495	
atg gac aga gca ggt ctt gtt gga gca gat ggt cca aca cat tgt ggt			1536
Met Asp Arg Ala Gly Leu Val Gly Ala Asp Gly Pro Thr His Cys Gly			
500	505	510	
gca ttt gat gtt act tac atg gca tgt ctt cct aac atg gtt gta atg			1584
Ala Phe Asp Val Thr Tyr Met Ala Cys Leu Pro Asn Met Val Val Met			
515	520	525	
gct cct tct gat gaa gca gag cta ttt cac atg gta gca act gct gcc			1632
Ala Pro Ser Asp Glu Ala Glu Leu Phe His Met Val Ala Thr Ala Ala			
530	535	540	
gcc att gat gac aga cca agt tgt ttt aga tac cca aga gga aat ggg			1680
Ala Ile Asp Asp Arg Pro Ser Cys Phe Arg Tyr Pro Arg Gly Asn Gly			
545	550	555	560
atc ggt gta gag ctt ccg gct gga aac aaa gga att cct ctt gag gtt			1728
Ile Gly Val Glu Leu Pro Ala Gly Asn Lys Gly Ile Pro Leu Glu Val			
565	570	575	
ggtaaa ggt agg ata ttg att gag ggg gag aga gtg gct cta ttg gga			1776
Gly Lys Gly Arg Ile Leu Ile Glu Gly Glu Arg Val Ala Leu Leu Gly			
580	585	590	
tat ggc tca gca gtg cag aac tgt ttg gat gca gat gca cgt ttc tgc aaa cca			1824
Tyr Gly Ser Ala Val Gln Asn Cys Leu Asp Ala Ala Ile Val Leu Glu			
595	600	605	
tcc cgc ggc tta caa gta aca gtt gca gat gca cgt ttc tgc aaa cca			1872
Ser Arg Gly Leu Gln Val Thr Val Ala Asp Ala Arg Phe Cys Lys Pro			
610	615	620	
ctg gac cat gcc ctc ata agg agc ctt gca aaa tca cat gaa gtg cta			1920

103

Leu	Asp	His	Ala	Leu	Ile	Arg	Ser	Leu	Ala	Lys	Ser	His	Glu	Val	Leu	
625				630				635				640				
atc act gtc gaa gaa gga tca att gga ggt ttt gga tct cat gtt gtt															1968	
Ile	Thr	Val	Glu	Gly	Ser	Ile	Gly	Gly	Phe	Gly	Ser	His	Val	Val		
			645			650			655							
cag ttc atg gcc tta gat ggg ctt ctt gat ggc aag ttg aag tgg aga															2016	
Gln	Phe	Met	Ala	Leu	Asp	Gly	Leu	Asp	Gly	Lys	Leu	Lys	Trp	Arg		
			660			665			670							
cca ata gtt ctt cct gat cga tac att gac cat gga tct cct gtt gat															2064	
Pro	Ile	Val	Leu	Pro	Asp	Arg	Tyr	Ile	Asp	His	Gly	Ser	Pro	Val	Asp	
	675			680			685									
cag ttg gcg gaa gct ggc cta aca cca tct cac att gca gca aca gta															2112	
Gln	Leu	Ala	Glu	Ala	Gly	Leu	Thr	Pro	Ser	His	Ile	Ala	Ala	Thr	Val	
	690			695			700									
ttt aac ata ctt gga caa acc aga gag gct cta gag gtc atg aca taa															2160	
Phe	Asn	Ile	Leu	Gly	Gln	Thr	Arg	Glu	Ala	Leu	Glu	Val	Met	Thr		
	705			710			715									
<210> 58																
<211> 719																
<212> PRT																
<213> Lycopersicon esculentum																
<400> 58																
Met Ala Leu Cys Ala Tyr Ala Phe Pro Gly Ile Leu Asn Arg Thr Gly																
1		5			10			15								
Val Val Ser Asp Ser Ser Lys Ala Thr Pro Leu Phe Ser Gly Trp Ile																
20			25			30										
His Gly Thr Asp Leu Gln Phe Leu Phe Gln His Lys Leu Thr His Glu																
35			40			45										
Val Lys Lys Arg Ser Arg Val Val Gln Ala Ser Leu Ser Glu Ser Gly																
50			55			60										
Glu Tyr Tyr Thr Gln Arg Pro Pro Thr Pro Ile Leu Asp Thr Val Asn																
65			70			75			80							

104

Tyr Pro Ile His Met Lys Asn Leu Ser Leu Lys Glu Leu Lys Gln Leu
85 90 95

Ala Asp Glu Leu Arg Ser Asp Thr Ile Phe Asn Val Ser Lys Thr Gly
100 105 110

Gly His Leu Gly Ser Ser Leu Gly Val Val Glu Leu Thr Val Ala Leu
115 120 125

His Tyr Val Phe Asn Ala Pro Gln Asp Arg Ile Leu Trp Asp Val Gly
130 135 140

His Gln Ser Tyr Pro His Lys Ile Leu Thr Gly Arg Arg Asp Lys Met
145 150 155 160

Ser Thr Leu Arg Gln Thr Asp Gly Leu Ala Gly Phe Thr Lys Arg Ser
165 170 175

Glu Ser Glu Tyr Asp Cys Phe Gly Thr Gly His Ser Ser Thr Thr Ile
180 185 190

Ser Ala Gly Leu Gly Met Ala Val Gly Arg Asp Leu Lys Gly Arg Asn
195 200 205

Asn Asn Val Ile Ala Val Ile Gly Asp Gly Ala Met Thr Ala Gly Gln
210 215 220

Ala Tyr Glu Ala Met Asn Asn Ala Gly Tyr Leu Asp Ser Asp Met Ile
225 230 235 240

Val Ile Leu Asn Asp Asn Arg Gln Val Ser Leu Pro Thr Ala Thr Leu
245 250 255

Asp Gly Pro Val Ala Pro Val Gly Ala Leu Ser Ser Ala Leu Ser Arg
260 265 270

Leu Gln Ser Asn Arg Pro Leu Arg Glu Leu Arg Glu Val Ala Lys Gly
275 280 285

Val Thr Lys Gln Ile Gly Gly Pro Met His Glu Leu Ala Ala Lys Val
290 295 300

105

Asp Glu Tyr Ala Arg Gly Met Ile Ser Gly Ser Gly Ser Thr Leu Phe
305 310 315 320

Glu Glu Leu Gly Leu Tyr Tyr Ile Gly Pro Val Asp Gly His Asn Ile
325 330 335

Asp Asp Leu Ile Ala Ile Leu Lys Glu Val Arg Ser Thr Lys Thr Thr
340 345 350

Gly Pro Val Leu Ile His Val Val Thr Glu Lys Gly Arg Gly Tyr Pro
355 360 365

Tyr Ala Glu Arg Ala Ala Asp Lys Tyr His Gly Val Ala Lys Phe Asp
370 375 380

Pro Ala Thr Gly Lys Gln Phe Lys Ala Ser Ala Lys Thr Gln Ser Tyr
385 390 395 400

Thr Thr Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Ile Ala Glu Ala Glu Ala Asp Lys
405 410 415

Asp Ile Val Ala Ile His Ala Ala Met Gly Gly Gly Thr Gly Met Asn
420 425 430

Leu Phe His Arg Arg Phe Pro Thr Arg Cys Phe Asp Val Gly Ile Ala
435 440 445

Glu Gln His Ala Val Thr Phe Ala Ala Gly Leu Ala Cys Glu Gly Ile
450 455 460

Lys Pro Phe Cys Ala Ile Tyr Ser Ser Phe Met Gln Arg Ala Tyr Asp
465 470 475 480

Gln Val Val His Asp Val Asp Leu Gln Lys Leu Pro Val Arg Phe Ala
485 490 495

Met Asp Arg Ala Gly Leu Val Gly Ala Asp Gly Pro Thr His Cys Gly
500 505 510

Ala Phe Asp Val Thr Tyr Met Ala Cys Leu Pro Asn Met Val Val Met
515 520 525

106

Ala Pro Ser Asp Glu Ala Glu Leu Phe His Met Val Ala Thr Ala Ala
530 535 540

Ala Ile Asp Asp Arg Pro Ser Cys Phe Arg Tyr Pro Arg Gly Asn Gly
545 550 555 560

Ile Gly Val Glu Leu Pro Ala Gly Asn Lys Gly Ile Pro Leu Glu Val
565 570 575

Gly Lys Gly Arg Ile Leu Ile Glu Gly Glu Arg Val Ala Leu Leu Gly
580 585 590

Tyr Gly Ser Ala Val Gln Asn Cys Leu Asp Ala Ala Ile Val Leu Glu
595 600 605

Ser Arg Gly Leu Gln Val Thr Val Ala Asp Ala Arg Phe Cys Lys Pro
610 615 620

Leu Asp His Ala Leu Ile Arg Ser Leu Ala Lys Ser His Glu Val Leu
625 630 635 640

Ile Thr Val Glu Glu Gly Ser Ile Gly Gly Phe Gly Ser His Val Val
645 650 655

Gln Phe Met Ala Leu Asp Gly Leu Leu Asp Gly Lys Leu Lys Trp Arg
660 665 670

Pro Ile Val Leu Pro Asp Arg Tyr Ile Asp His Gly Ser Pro Val Asp
675 680 685

Gln Leu Ala Glu Ala Gly Leu Thr Pro Ser His Ile Ala Ala Thr Val
690 695 700

Phe Asn Ile Leu Gly Gln Thr Arg Glu Ala Leu Glu Val Met Thr
705 710 715

<210> 59

<211> 1434

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> CDS

<222> (1) ..(1434)

<223>

<400> 59

atg atg aca tta aac tca cta tct cca gct gaa tcc aaa gct att tct 48
 Met Met Thr Leu Asn Ser Leu Ser Pro Ala Glu Ser Lys Ala Ile Ser
 1 5 10 15

tcc ttg gat acc tcc agg ttc aat cca atc cct aaa ctc tca ggt ggg 96
 Phe Leu Asp Thr Ser Arg Phe Asn Pro Ile Pro Lys Leu Ser Gly Gly
 20 25 30

ttt agt ttg agg agg aat caa ggg aga ggt ttt gga aaa ggt gtt 144
 Phe Ser Leu Arg Arg Asn Gln Gly Arg Gly Phe Gly Lys Gly Val
 35 40 45

aag tgt tca gtg aaa gtg cag cag caa caa cct cct cca gca tgg 192
 Lys Cys Ser Val Lys Val Gln Gln Gln Gln Pro Pro Pro Ala Trp
 50 55 60

cct ggg aga gct gtc cct gag gcg cct cgt caa tct tgg gat gga cca 240
 Pro Gly Arg Ala Val Pro Glu Ala Pro Arg Gln Ser Trp Asp Gly Pro
 65 70 75 80

aaa ccc atc tct atc gtt gga tct act ggt tct att ggc act cag aca 288
 Lys Pro Ile Ser Ile Val Gly Ser Thr Gly Ser Ile Gly Thr Gln Thr
 85 90 95

ttg gat att gtg gct gag aat cct gac aaa ttc aga gtt gtg gct cta 336
 Leu Asp Ile Val Ala Glu Asn Pro Asp Lys Phe Arg Val Val Ala Leu
 100 105 110

gct gct ggt tcg aat gtt act cta ctt gct gat cag gta agg aga ttt 384
 Ala Ala Gly Ser Asn Val Thr Leu Leu Ala Asp Gln Val Arg Arg Phe
 115 120 125

aag cct gca ttg gtt gct gtt aga aac gag tca ctg att aat gag ctt 432
 Lys Pro Ala Leu Val Ala Val Arg Asn Glu Ser Leu Ile Asn Glu Leu
 130 135 140

aaa gag gct tta gct gat ttg gac tat aaa ctc gag att att cca gga 480
 Lys Glu Ala Leu Ala Asp Leu Asp Tyr Lys Leu Glu Ile Ile Pro Gly
 145 150 155 160

gag caa gga gtg att gag gtt gcc cga cat cct gaa gct gta acc gtt 528
 Glu Gln Gly Val Ile Glu Val Ala Arg His Pro Glu Ala Val Thr Val
 165 170 175

gtt acc gga ata gta ggt tgt gcg gga cta aag cct acg gtt gct gca Val Thr Gly Ile Val Gly Cys Ala Gly Leu Lys Pro Thr Val Ala Ala	180 185 190	576
att gaa gca gga aag gac att gct ctt gca aac aaa gag aca tta atc Ile Glu Ala Gly Lys Asp Ile Ala Leu Ala Asn Lys Glu Thr Leu Ile	195 200 205	624
gca ggt ggt cct ttc gtg ctt ccg ctt gcc aac aaa cat aat gta aag Ala Gly Gly Pro Phe Val Leu Pro Leu Ala Asn Lys His Asn Val Lys	210 215 220	672
att ctt ccg gca gat tca gaa cat tct gcc ata ttt cag tgt att caa Ile Leu Pro Ala Asp Ser Glu His Ser Ala Ile Phe Gln Cys Ile Gln	225 230 235 240	720
ggg ttg cct gaa ggc gct ctg cgc aag ata atc ttg act gca tct ggt Gly Leu Pro Glu Gly Ala Leu Arg Lys Ile Ile Leu Thr Ala Ser Gly	245 250 255	768
gga gct ttt agg gat tgg cct gtc gaa aag cta aag gaa gtt aaa gta Gly Ala Phe Arg Asp Trp Pro Val Glu Lys Leu Lys Glu Val Lys Val	260 265 270	816
gcg gat gcg ttg aag cat cca aac tgg aac atg gga aag aaa atc act Ala Asp Ala Leu Lys His Pro Asn Trp Asn Met Gly Lys Lys Ile Thr	275 280 285	864
gtg gac tct gct acg ctt ttc aac aag ggt ctt gag gtc att gaa gcg Val Asp Ser Ala Thr Leu Phe Asn Lys Gly Leu Glu Val Ile Glu Ala	290 295 300	912
cat tat ttg ttt gga gct gag tat gac gat ata gag att gtc att cat His Tyr Leu Phe Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Ile Glu Ile Val Ile His	305 310 315 320	960
ccg caa agt atc ata cat tcc atg att gaa aca cag gat tca tct gtg Pro Gln Ser Ile Ile His Ser Met Ile Glu Thr Gln Asp Ser Ser Val	325 330 335	1008
ctt gct caa ttg ggt tgg cct gat atg cgt tta ccg att ctc tac acc Leu Ala Gln Leu Gly Trp Pro Asp Met Arg Leu Pro Ile Leu Tyr Thr	340 345 350	1056
atg tca tgg ccc gat aga gtt cct tgt tct gaa gta act tgg cca aga Met Ser Trp Pro Asp Arg Val Pro Cys Ser Glu Val Thr Trp Pro Arg	355 360 365	1104
ctt gac ctt tgc aaa ctc ggt tca ttg act ttc aag aaa cca gac aat Leu Asp Leu Cys Lys Leu Gly Ser Leu Thr Phe Lys Lys Pro Asp Asn	370 375 380	1152
gtg aaa tac cca tcc atg gat ctt gct tat gct gct gga cga gct gga Val Lys Tyr Pro Ser Met Asp Leu Ala Tyr Ala Ala Gly Arg Ala Gly	385 390 395 400	1200

ggc aca atg act gga gtt ctc agc gcc gcc aat gag aaa gct gtt gaa 1248
 Gly Thr Met Thr Gly Val Leu Ser Ala Ala Asn Glu Lys Ala Val Glu
 405 410 415

atg ttc att gat gaa aag ata agc tat ttg gat atc ttc aag gtt gtg 1296
 Met Phe Ile Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Leu Asp Ile Phe Lys Val Val
 420 425 430

gaa tta aca tgc gat aaa cat cga aac gag ttg gta aca tca ccg tct 1344
 Glu Leu Thr Cys Asp Lys His Arg Asn Glu Leu Val Thr Ser Pro Ser
 435 440 445

ctt gaa gag att gtt cac tat gac ttg tgg gca cgt gaa tat gcc gcg 1392
 Leu Glu Glu Ile Val His Tyr Asp Leu Trp Ala Arg Glu Tyr Ala Ala
 450 455 460

aat gtg cag ctt tct tct ggt gct agg cca gtt cat gca tga 1434
 Asn Val Gln Leu Ser Ser Gly Ala Arg Pro Val His Ala
 465 470 475

<210> 60

<211> 477

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 60 []

Met Met Thr Leu Asn Ser Leu Ser Pro Ala Glu Ser Lys Ala Ile Ser
 1 5 10 15

Phe Leu Asp Thr Ser Arg Phe Asn Pro Ile Pro Lys Leu Ser Gly Gly
 20 25 30 [] [] [] []

Phe Ser Leu Arg Arg Asn Gln Gly Arg Gly Phe Gly Lys Gly Val
 35 40 45 [] []

Lys Cys Ser Val Lys Val Gln Gln Gln Gln Pro Pro Pro Ala Trp
 50 55 60

Pro Gly Arg Ala Val Pro Glu Ala Pro Arg Gln Ser Trp Asp Gly Pro
 65 70 75 80

Lys Pro Ile Ser Ile Val Gly Ser Thr Gly Ser Ile Gly Thr Gln Thr
 85 90 95 [] []

Leu Asp Ile Val Ala Glu Asn Pro Asp Lys Phe Arg Val Val Ala Leu
100 105 110

Ala Ala Gly Ser Asn Val Thr Leu Leu Ala Asp Gln Val Arg Arg Phe
115 120 125

Lys Pro Ala Leu Val Ala Val Arg Asn Glu Ser Leu Ile Asn Glu Leu
130 135 140

Lys Glu Ala Leu Ala Asp Leu Asp Tyr Lys Leu Glu Ile Ile Pro Gly
145 150 155 160

Glu Gln Gly Val Ile Glu Val Ala Arg His Pro Glu Ala Val Thr Val
165 170 175

Val Thr Gly Ile Val Gly Cys Ala Gly Leu Lys Pro Thr Val Ala Ala
180 185 190

Ile Glu Ala Gly Lys Asp Ile Ala Leu Ala Asn Lys Glu Thr Leu Ile
195 200 205

Ala Gly Gly Pro Phe Val Leu Pro Leu Ala Asn Lys His Asn Val Lys
210 215 220

Ile Leu Pro Ala Asp Ser Glu His Ser Ala Ile Phe Gln Cys Ile Gln
225 230 235 240

Gly Leu Pro Glu Gly Ala Leu Arg Lys Ile Ile Leu Thr Ala Ser Gly
245 250 255

Gly Ala Phe Arg Asp Trp Pro Val Glu Lys Leu Lys Glu Val Lys Val
260 265 270

Ala Asp Ala Leu Lys His Pro Asn Trp Asn Met Gly Lys Lys Ile Thr
275 280 285

Val Asp Ser Ala Thr Leu Phe Asn Lys Gly Leu Glu Val Ile Glu Ala
290 295 300

His Tyr Leu Phe Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Ile Glu Ile Val Ile His
305 310 315 320

Pro Gln Ser Ile Ile His Ser Met Ile Glu Thr Gln Asp Ser Ser Val
325 330 335

Leu Ala Gln Leu Gly Trp Pro Asp Met Arg Leu Pro Ile Leu Tyr Thr
340 345 350

Met Ser Trp Pro Asp Arg Val Pro Cys Ser Glu Val Thr Trp Pro Arg
355 360 365

Leu Asp Leu Cys Lys Leu Gly Ser Leu Thr Phe Lys Lys Pro Asp Asn
370 375 380

Val Lys Tyr Pro Ser Met Asp Leu Ala Tyr Ala Ala Gly Arg Ala Gly
385 390 395 400

Gly Thr Met Thr Gly Val Leu Ser Ala Ala Asn Glu Lys Ala Val Glu
405 410 415

Met Phe Ile Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Leu Asp Ile Phe Lys Val Val
420 425 430

Glu Leu Thr Cys Asp Lys His Arg Asn Glu Leu Val Thr Ser Pro Ser
435 440 445

Leu Glu Glu Ile Val His Tyr Asp Leu Trp Ala Arg Glu Tyr Ala Ala
450 455 460

Asn Val Gln Leu Ser Ser Gly Ala Arg Pro Val His Ala
465 470 475

<210> 61

<211> 884

<212> DNA

<213> Adonis palaestina clone APIPI28

<220>

<221> CDS

<222> (180)...(884)

<223>

<400> 61				
cgtcgatcatcg gattaatcct ttatatagtat ctttctccac caccactaaa acattatcag	60			
cttcgtgttc ttctcccgct gttcatcttc agcagcggt tcgtactctt tctatttctt	120			
cttccatcac taacagtctt cgccgagggt tgaatcggt gttcgctca acgtcgact	179			
atg ggt gaa gtc gct gat gct ggt atg gat gcc gtc cag aag cgg ctt	227			
Met Gly Val Ala Asp Ala Gly Met Asp Ala Val Gln Lys Arg Leu				
1 5 10 15				
atg ttc gac gat gaa tgt att ttg gtg gat gag aat gac aag gtc gtc	275			
Met Phe Asp Asp Glu Cys Ile Leu Val Asp Glu Asn Asp Lys Val Val				
20 25 30				
gga cat gat tcc aaa tac aac tgt cat ttg atg gaa aag ata gag gca	323			
Gly His Asp Ser Lys Tyr Asn Cys His Leu Met Glu Lys Ile Glu Ala				
35 40 45				
gaa aac ttg ctt cac aga gcc ttc agt gtt ttc tta ttc aac tca aaa	371			
Glu Asn Leu His Arg Ala Phe Ser Val Phe Leu Phe Asn Ser Lys				
50 55 60				
tac gag ttg ctt ctt cag caa cga tct gca acg aag gta aca ttc ccg	419			
Tyr Glu Leu Leu Leu Gln Gln Arg Ser Ala Thr Lys Val Thr Phe Pro				
65 70 75 80				
ctc gta tgg aca aac acc tgt tgc agc cat ccc ctc ttc cgt gat tcc	467			
Leu Val Trp Thr Asn Thr Cys Cys Ser His Pro Leu Phe Arg Asp Ser				
85 90 95				
gaa ctc ata gaa gaa aat ttt ctc ggg gta cga aac gct gca caa agg	515			
Glu Leu Ile Glu Asn Phe Leu Gly Val Arg Asn Ala Ala Gln Arg				
100 105 110				
aag ctt tta gac gag cta ggc att cca gct gaa gac gta cca gtt gat	563			
Lys Leu Leu Asp Glu Leu Gly Ile Pro Ala Glu Asp Val Pro Val Asp				
115 120 125				
gaa ttc act cct ctt ggt cgc att ctt tac aaa gct cca tct gac gga	611			
Glu Phe Thr Pro Leu Gly Arg Ile Leu Tyr Lys Ala Pro Ser Asp Gly				
130 135 140				
aaa tgg gga gag cac gaa ctg gac tat ctt ctg ttt att gtc cga gat	659			
Lys Trp Gly Glu His Glu Leu Asp Tyr Leu Leu Phe Ile Val Arg Asp				
145 150 155 160				
gtg aaa tac gat cca aac cca gat gaa gtt gct gac gct aag tac gtt	707			
Val Lys Tyr Asp Pro Asn Pro Asp Glu Val Ala Asp Ala Lys Tyr Val				
165 170 175				

aat cgc gag gag ttg aaa gag ata ctg aga aaa gct gat gca ggt gaa 755
 Asn Arg Glu Glu Leu Lys Glu Ile Leu Arg Lys Ala Asp Ala Gly Glu
 180 185 190

gag gga ata aag ttg tct cct tgg ttt aga ttg gtt gtg gat aac ttt 803
 Glu Gly Ile Lys Leu Ser Pro Trp Phe Arg Leu Val Val Asp Asn Phe
 195 200 205

ttg ttc aag tgg tgg gat cat gta gag gag ggg aag att aag gac gtc 851
 Leu Phe Lys Trp Trp Asp His Val Glu Glu Gly Lys Ile Lys Asp Val
 210 215 220

gcc gac atg aaa act atc cac aag ttg act taa 884
 Ala Asp Met Lys Thr Ile His Lys Leu Thr
 225 230

<210> 62

<211> 234

<212> PRT

<213> Adonis palaestina clone APIPI28

<400> 62

Met Gly Glu Val Ala Asp Ala Gly Met Asp Ala Val Gln Lys Arg Leu
 1 5 10 15

Met Phe Asp Asp Glu Cys Ile Leu Val Asp Glu Asn Asp Lys Val Val
 20 25 30

Gly His Asp Ser Lys Tyr Asn Cys His Leu Met Glu Lys Ile Glu Ala
 35 40 45

Glu Asn Leu Leu His Arg Ala Phe Ser Val Phe Leu Phe Asn Ser Lys
 50 55 60

Tyr Glu Leu Leu Leu Gln Gln Arg Ser Ala Thr Lys Val Thr Phe Pro
 65 70 75 80

Leu Val Trp Thr Asn Thr Cys Cys Ser His Pro Leu Phe Arg Asp Ser
 85 90 95

Glu Leu Ile Glu Glu Asn Phe Leu Gly Val Arg Asn Ala Ala Gln Arg
 100 105 110

Lys Leu Leu Asp Glu Leu Gly Ile Pro Ala Glu Asp Val Pro Val Asp
115 120 125

Glu Phe Thr Pro Leu Gly Arg Ile Leu Tyr Lys Ala Pro Ser Asp Gly
130 135 140

Lys Trp Gly Glu His Glu Leu Asp Tyr Leu Leu Phe Ile Val Arg Asp
145 150 155 160

Val Lys Tyr Asp Pro Asn Pro Asp Glu Val Ala Asp Ala Lys Tyr Val
165 170 175

Asn Arg Glu Glu Leu Lys Glu Ile Leu Arg Lys Ala Asp Ala Gly Glu
180 185 190

Glu Gly Ile Lys Leu Ser Pro Trp Phe Arg Leu Val Val Asp Asn Phe
195 200 205

Leu Phe Lys Trp Trp Asp His Val Glu Glu Gly Lys Ile Lys Asp Val
210 215 220

Ala Asp Met Lys Thr Ile His Lys Leu Thr
225 230

<210> 63

<211> 1402

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> CDS

<222> (52)..(1317)

<223>

<400> 63

aagtctttgc ctctttgggt tactttcctc tgttttcgat ccatttagaa a atg tta

57

Met Leu
1

ttc acg agg agt gtt gct cggttatt tct tct aag ttt ctg aga aac cgt Phe Thr Arg Ser Val Ala Arg Ile Ser Ser Lys Phe Leu Arg Asn Arg	105
5 10 15	
agc ttc tat ggc tcc tct caa tct ctc gcc tct cat cgg ttc gca atc Ser Phe Tyr Gly Ser Ser Gln Ser Leu Ala Ser His Arg Phe Ala Ile	153
20 25 30	
att ccc gat cag ggt cac tct tgt tct gac tct cca cac aag ggt tac Ile Pro Asp Gln Gly His Ser Cys Ser Asp Ser Pro His Lys Gly Tyr	201
35 40 45 50	
gtt tgc aga aca act tat tca ttg aaa tct ccg gtt ttt ggt gga ttt Val Cys Arg Thr Thr Tyr Ser Leu Lys Ser Pro Val Phe Gly Gly Phe	249
55 60 65	
agt cat caa ctc tat cac cag agt agc tcc ttg gtt gag gag gag ctt Ser His Gln Leu Tyr His Gln Ser Ser Leu Val Glu Glu Glu Leu	297
70 75 80	
gac cca ttt tcg ctt gtt gcc gat gag ctg tca ctt ctt agt aat aag Asp Pro Phe Ser Leu Val Ala Asp Glu Leu Ser Leu Leu Ser Asn Lys	345
85 90 95	
ttg aga gag atg gta ctt gcc gag gtt cca aag ctt gcc tct gct gct Leu Arg Glu Met Val Leu Ala Glu Val Pro Lys Leu Ala Ser Ala Ala	393
100 105 110	
gag tac ttc ttc aaa agg ggt gtg caa gga aaa cag ttt cgt tca act Glu Tyr Phe Phe Lys Arg Gly Val Gln Gly Lys Gln Phe Arg Ser Thr	441
115 120 125 130	
att ttg ctg ctg atg gcg aca gct ctg gat gta cga gtt cca gaa gca Ile Leu Leu Met Ala Thr Ala Leu Asp Val Arg Val Pro Glu Ala	489
135 140 145	
ttg att ggg gaa tca aca gat ata gtc aca tca gaa tta cgc gta agg Leu Ile Gly Glu Ser Thr Asp Ile Val Thr Ser Glu Leu Arg Val Arg	537
150 155 160	
caa cgg ggt att gct gaa atc act gaa atg ata cac gtc gca agt cta Gln Arg Gly Ile Ala Glu Ile Thr Glu Met Ile His Val Ala Ser Leu	585
165 170 175	
ctg cac gat gat gtc ttg gat gat gcc gat aca agg cgt ggt gtt ggt Leu His Asp Asp Val Leu Asp Asp Ala Asp Thr Arg Arg Gly Val Gly	633
180 185 190	
tcc tta aat gtt gta atg ggt aac aag atg tcg gta tta gca gga gac Ser Leu Asn Val Val Met Gly Asn Lys Met Ser Val Leu Ala Gly Asp	681
195 200 205 210	
ttc ttg ctc tcc cgg gct tgt ggg gct ctc gct gct tta aag aac aca	729

Phe Leu Leu Ser Arg Ala Cys Gly Ala Leu Ala Ala Leu Lys Asn Thr		
215	220	225
gag gtt gta gca tta ctt gca act gct gta gaa cat ctt gtt acc ggt Glu Val Val Ala Leu Leu Ala Thr Ala Val Glu His Leu Val Thr Gly		
230	235	240
gaa acc atg gag ata act agt tca acc gag cag cgt tat agt atg gac Glu Thr Met Glu Ile Thr Ser Ser Thr Glu Gln Arg Tyr Ser Met Asp		
245	250	255
tac tac atg cag aag aca tat tat aag aca gca tcg cta atc tct aac Tyr Tyr Met Gln Lys Thr Tyr Tyr Lys Thr Ala Ser Leu Ile Ser Asn		
260	265	270
agc tgc aaa gct gtt gcc gtt ctc act gga caa aca gca gaa gtt gcc Ser Cys Lys Ala Val Ala Val Leu Thr Gly Gln Thr Ala Glu Val Ala		
275	280	285
gtg ttá gct ttt gag tat ggg agg aat ctg ggt tta gca ttc caa tta Val Leu Ala Phe Glu Tyr Gly Arg Asn Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu		
295	300	305
ata gac gac att ctt gat ttc acg ggc aca tct gcc tct ctc gga aag Ile Asp Asp Ile Leu Asp Phe Thr Gly Thr Ser Ala Ser Leu Gly Lys		
310	315	320
gga tcg ttg tca gat att cgc cat gga gtc ata aca gcc cca atc ctc Gly Ser Leu Ser Asp Ile Arg His Gly Val Ile Thr Ala Pro Ile Leu		
325	330	335
ttt gcc atg gaa gag ttt cct caa cta cgc gaa gtt gtt gat caa gtt Phe Ala Met Glu Glu Phe Pro Gln Leu Arg Glu Val Val Asp Gln Val		
340	345	350
gaa aaa gat cct agg aat gtt gac att gct tta gag tat ctt ggg aag Glu Lys Asp Pro Arg Asn Val Asp Ile Ala Leu Glu Tyr Leu Gly Lys		
355	360	365
agc aag gga ata cag agg gca aga gaa tta gcc atg gaa cat gcg aat Ser Lys Gly Ile Gln Arg Ala Arg Glu Leu Ala Met Glu His Ala Asn		
375	380	385
cta gca gca gct gca atc ggg tct cta cct gaa aca gac aat gaa gat Leu Ala Ala Ala Ile Gly Ser Leu Pro Glu Thr Asp Asn Glu Asp		
390	395	400
gtc aaa aga tcg agg cgg gca ctt att gac ttg acc cat aga gtc atc Val Lys Arg Ser Arg Arg Ala Leu Ile Asp Leu Thr His Arg Val Ile		
405	410	415
acc aga aac aag tgagattaag taatgtttct ctctatacac caaaacattc Thr Arg Asn Lys		
420		
ctcatttcat ttgttaggatt ttgttgtcc aattcgtttc acgaa		
		1402

<210> 64

<211> 422

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 64

Met Leu Phe Thr Arg Ser Val Ala Arg Ile Ser Ser Lys Phe Leu Arg
1 5 10 15

Asn Arg Ser Phe Tyr Gly Ser Ser Gln Ser Leu Ala Ser His Arg Phe
20 25 30

Ala Ile Ile Pro Asp Gln Gly His Ser Cys Ser Asp Ser Pro His Lys
35 40 45

Gly Tyr Val Cys Arg Thr Thr Tyr Ser Leu Lys Ser Pro Val Phe Gly
50 55 60

Gly Phe Ser His Gln Leu Tyr His Gln Ser Ser Ser Leu Val Glu Glu
65 70 75 80

Glu Leu Asp Pro Phe Ser Leu Val Ala Asp Glu Leu Ser Leu Ser
85 90 95

Asn Lys Leu Arg Glu Met Val Leu Ala Glu Val Pro Lys Leu Ala Ser
100 105 110

Ala Ala Glu Tyr Phe Phe Lys Arg Gly Val Gln Gly Lys Gln Phe Arg
115 120 125

Ser Thr Ile Leu Leu Leu Met Ala Thr Ala Leu Asp Val Arg Val Pro
130 135 // 140

Glu Ala Leu Ile Gly Glu Ser Thr Asp Ile Val Thr Ser Glu Leu Arg
145 150 155 160

Val Arg Gln Arg Gly Ile Ala Glu Ile Thr Glu Met Ile His Val Ala
165 170 175

Ser Leu Leu His Asp Asp Val Leu Asp Asp Ala Asp Thr Arg Arg Gly
180 185 190

Val Gly Ser Leu Asn Val Val Met Gly Asn Lys Met Ser Val Leu Ala
195 200 205

Gly Asp Phe Leu Leu Ser Arg Ala Cys Gly Ala Leu Ala Ala Leu Lys
210 215 220

Asn Thr Glu Val Val Ala Leu Leu Ala Thr Ala Val Glu His Leu Val
225 230 235 240

Thr Gly Glu Thr Met Glu Ile Thr Ser Ser Thr Glu Gln Arg Tyr Ser
245 250 255

Met Asp Tyr Tyr Met Gln Lys Thr Tyr Tyr Lys Thr Ala Ser Leu Ile
260 265 270

Ser Asn Ser Cys Lys Ala Val Ala Val Leu Thr Gly Gln Thr Ala Glu
275 280 285

Val Ala Val Leu Ala Phe Glu Tyr Gly Arg Asn Leu Gly Leu Ala Phe
290 295 300

Gln Leu Ile Asp Asp Ile Leu Asp Phe Thr Gly Thr Ser Ala Ser Leu
305 310 315 320

Gly Lys Gly Ser Leu Ser Asp Ile Arg His Gly Val Ile Thr Ala Pro
325 330 335

Ile Leu Phe Ala Met Glu Glu Phe Pro Gln Leu Arg Glu Val Val Asp
340 345 350

Gln Val Glu Lys Asp Pro Arg Asn Val Asp Ile Ala Leu Glu Tyr Leu
355 360 365

Gly Lys Ser Lys Gly Ile Gln Arg Ala Arg Glu Leu Ala Met Glu His
370 375 380

Ala Asn Leu Ala Ala Ala Ile Gly Ser Leu Pro Glu Thr Asp Asn
385 390 395 400

Glu Asp Val Lys Arg Ser Arg Arg Ala Leu Ile Asp Leu Thr His Arg
405 410 415

Val Ile Thr Arg Asn Lys
420

<210> 65

<211> 1155

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1155)

<223>

<400> 65

48

gca ata cct tca cat cat ttg cat ctg aga agt ctt ggt ggg agt ctc
 Ala Ile Pro Ser His His Leu His Leu Arg Ser Leu Gly Gly Ser Leu
 20 25 30

96

tat cgt cgt cgt atc caa agc tct tca atg gag acc gat ctc aag tca
 Tyr Arg Arg Arg Ile Gln Ser Ser Ser Met Glu Thr Asp Leu Lys Ser
 35 40 45

144

```

acc ttt ctc aac gtt tat tct gtt ctc aag tct gac ctt ctt cat gac
Thr Phe Leu Asn Val Tyr Ser Val Leu Lys Ser Asp Leu Leu His Asp
      50           55           60

```

192

```

cct tcc ttc gaa ttc acc aat gaa tct cgt ctc tgg gtt gat cgg atg
Pro Ser Phe Glu Phe Thr Asn Glu Ser Arg Leu Trp Val Asp Arg Met
65           70           75           80

```

240

ctg gac tac aat gta cgt gga ggg aaa ctc aat cgg ggt ctc tct gtt
 Leu Asp Tyr Asn Val Arg Gly Gly Lys Leu Asn Arg Gly Leu Ser Val
 85 90 95

288

gtt gac agt ttc aaa ctt ttg aag caa ggc aat gat ttg act gag caa

120

Val Asp Ser Phe Lys Leu Leu Lys Gln Gly Asn Asp Leu Thr Glu Gln		
100	105	110
gag gtt ttc ctc tct tgt gct ctc ggt tgg tgc att gaa tgg ctc caa		384
Glu Val Phe Leu Ser Cys Ala Leu Gly Trp Cys Ile Glu Trp Leu Gln		
115	120	125
gct tat ttc ctt gtg ctt gat gat att atg gat aac tct gtc act cgc		432
Ala Tyr Phe Leu Val Leu Asp Asp Ile Met Asp Asn Ser Val Thr Arg		
130	135	140
cgt ggt caa cct tgc tgg ttc aga gtt cct cag gtt ggt atg gtt gcc		480
Arg Gly Gln Pro Cys Trp Phe Arg Val Pro Gln Val Gly Met Val Ala		
145	150	155
160		
atc aat gat ggg att cta ctt cgc aat cac atc cac agg att ctc aaa		528
Ile Asn Asp Gly Ile Leu Leu Arg Asn His Ile His Arg Ile Leu Lys		
165	170	175
aag cat ttc cgt gat aag cct tac tat gtt gac ctt gtt gat ttg ttt		576
Lys His Phe Arg Asp Lys Pro Tyr Tyr Val Asp Leu Val Asp Leu Phe		
180	185	190
aat gag gtt gag ttg caa aca gct tgt ggc cag atg ata gat ttg atc		624
Asn Glu Val Glu Leu Gln Thr Ala Cys Gly Gln Met Ile Asp Leu Ile		
195	200	205
acc acc ttt gaa gga gaa aag gat ttg gcc aag tac tca ttg tca atc		672
Thr Phe Glu Gly Glu Lys Asp Leu Ala Lys Tyr Ser Leu Ser Ile		
210	215	220
cac cgt cgt att gtc cag tac aaa acg gct tat tac tca ttt tat ctc		720
His Arg Arg Ile Val Gln Tyr Lys Thr Ala Tyr Tyr Ser Phe Tyr Leu		
225	230	235
240		
cct gtt gct tgt gcg ttg ctt atg gcg ggc gaa aat ttg gaa aac cat		768
Pro Val Ala Cys Ala Leu Leu Met Ala Gly Glu Asn Leu Glu Asn His		
245	250	255
att gac gtg aaa aat gtt ctt gtt gac atg gga atc tac ttc caa gtg		816
Ile Asp Val Lys Asn Val Leu Val Asp Met Gly Ile Tyr Phe Gln Val		
260	265	270
cag gat gat tat ctg gat tgt ttt gct gat ccc gag acg ctt ggc aag		864
Gln Asp Asp Tyr Leu Asp Cys Phe Ala Asp Pro Glu Thr Leu Gly Lys		
275	280	285
ata gga aca gat ata gaa gat ttc aaa tgc tcg tgg ttg gtg gtt aag		912
Ile Gly Thr Asp Ile Glu Asp Phe Lys Cys Ser Trp Leu Val Val Lys		
290	295	300
gca tta gag cgc tgc agc gaa caa act aag ata tta tat gag aac		960
Ala Leu Glu Arg Cys Ser Glu Glu Gln Thr Lys Ile Leu Tyr Glu Asn		
305	310	315
320		
tat ggt aaa ccc gac cca tcg aac gtt gct aaa gtg aag gat ctc tac		1008

Tyr Gly Lys Pro Asp Pro Ser Asn Val Ala Lys Val Lys Asp Leu Tyr
 325 330 335

aaa gag ctg gat ctt gag gga gtt ttc atg gag tat gag agc aaa agc
 Lys Glu Leu Asp Leu Glu Gly Val Phe Met Glu Tyr Glu Ser Lys Ser
 340 345 350

tac gag aag ctg act gga gcg att gag gga cac caa agt aaa gca atc
 Tyr Glu Lys Leu Thr Gly Ala Ile Glu Gly His Gln Ser Lys Ala Ile
 355 360 365

caa gca gtg cta aaa tcc ttc ttg gct aag atc tac aag agg cag aag
 Gln Ala Val Leu Lys Ser Phe Leu Ala Lys Ile Tyr Lys Arg Gln Lys
 370 375 380

tag 1155

<210> 66

<211> 384

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 66

Met Ser Val Ser Cys Cys Cys Arg Asn Leu Gly Lys Thr Ile Lys Lys
 1 5 10 15

Ala Ile Pro Ser His His Leu His Leu Arg Ser Leu Gly Gly Ser Leu
 20 25 30

Tyr Arg Arg Arg Ile Gln Ser Ser Ser Met Glu Thr Asp Leu Lys Ser
 35 40 45

Thr Phe Leu Asn Val Tyr Ser Val Leu Lys Ser Asp Leu Leu His Asp
 50 55 60

Pro Ser Phe Glu Phe Thr Asn Glu Ser Arg Leu Trp Val Asp Arg Met
 65 70 75 80

Leu Asp Tyr Asn Val Arg Gly Gly Lys Leu Asn Arg Gly Leu Ser Val
 85 90 95

Val Asp Ser Phe Lys Leu Leu Lys Gln Gly Asn Asp Leu Thr Glu Gln
 100 105 110

Glu Val Phe Leu Ser Cys Ala Leu Gly Trp Cys Ile Glu Trp Leu Gln
115 120 125

Ala Tyr Phe Leu Val Leu Asp Asp Ile Met Asp Asn Ser Val Thr Arg
130 135 140

Arg Gly Gln Pro Cys Trp Phe Arg Val Pro Gln Val Gly Met Val Ala
145 150 155 160

Ile Asn Asp Gly Ile Leu Leu Arg Asn His Ile His Arg Ile Leu Lys
165 170 175

Lys His Phe Arg Asp Lys Pro Tyr Tyr Val Asp Leu Val Asp Leu Phe
180 185 190

Asn Glu Val Glu Leu Gln Thr Ala Cys Gly Gln Met Ile Asp Leu Ile
195 200 205

Thr Thr Phe Glu Gly Glu Lys Asp Leu Ala Lys Tyr Ser Leu Ser Ile
210 215 220

His Arg Arg Ile Val Gln Tyr Lys Thr Ala Tyr Tyr Ser Phe Tyr Leu
225 230 235 240

Pro Val Ala Cys Ala Leu Leu Met Ala Gly Glu Asn Leu Glu Asn His
245 250 255

Ile Asp Val Lys Asn Val Leu Val Asp Met Gly Ile Tyr Phe Gln Val
260 265 270

Gln Asp Asp Tyr Leu Asp Cys Phe Ala Asp Pro Glu Thr Leu Gly Lys
275 280 285

Ile Gly Thr Asp Ile Glu Asp Phe Lys Cys Ser Trp Leu Val Val Lys
290 295 300

Ala Leu Glu Arg Cys Ser Glu Glu Gln Thr Lys Ile Leu Tyr Glu Asn
305 310 315 320

Tyr Gly Lys Pro Asp Pro Ser Asn Val Ala Lys Val Lys Asp Leu Tyr
325 330 335

Lys Glu Leu Asp Leu Glu Gly Val Phe Met Glu Tyr Glu Ser Lys Ser
 340 345 350

Tyr Glu Lys Leu Thr Gly Ala Ile Glu Gly His Gln Ser Lys Ala Ile
 355 360 365

Gln Ala Val Leu Lys Ser Phe Leu Ala Lys Ile Tyr Lys Arg Gln Lys
 370 375 380

<210> 67

<211> 1101

<212> DNA

<213> Sinabs alba

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1101)

<223>

<400> 67
 atg gct tct tca gtg act cct cta ggt tca tgg gtt ctt ctt cac cat 48
 Met Ala Ser Ser Val Thr Pro Leu Gly Ser Trp Val Leu Leu His His
 1 5 10 15

cat cct tca act atc tta acc caa tcc aga tcc aga tct cct cct tct 96
 His Pro Ser Thr Ile Leu Thr Gln Ser Arg Ser Arg Ser Pro Pro Ser
 20 25 30

ctc atc acc ctt aaa ccc atc tcc ctc act cca aaa cgc acc gtt tcg 144
 Leu Ile Thr Leu Lys Pro Ile Ser Leu Thr Pro Lys Arg Thr Val Ser
 35 40 45

tct tct tcc tcc tct tcc atc acc aaa gaa gac aac aac ctc aaa 192
 Ser Ser Ser Ser Ser Leu Ile Thr Lys Glu Asp Asn Asn Leu Lys
 50 55 60

tcc tct tcc tct tcc ttc gat ttc atg tct tac atc atc cgc aaa gcc 240
 Ser Ser Ser Ser Ser Phe Asp Phe Met Ser Tyr Ile Ile Arg Lys Ala
 65 70 75 80

gac tcc gtc aac aaa gcc tta gac tcc gcc gtc cct ctc cgg gag cca 288

Asp Ser Val Asn Lys Ala Leu Asp Ser Ala Val Pro Leu Arg Glu Pro			
85	90	95	
ctc aag atc cac gaa gcg atg cgt tac tct ctc ctc gcc gga gga aaa			336
Leu Lys Ile His Glu Ala Met Arg Tyr Ser Leu Leu Ala Gly Gly Lys			
100	105	110	
cgc gtc aga cca gtt ctc tgc atc gcc gcg tgc gag cta gtc gga gga			384
Arg Val Arg Pro Val Leu Cys Ile Ala Ala Cys Glu Leu Val Gly Gly			
115	120	125	
gaa gag tct tta gct atg ccg gcg cgt tgc gcc gtg gaa atg atc cac			432
Glu Glu Ser Leu Ala Met Pro Ala Arg Cys Ala Val Glu Met Ile His			
130	135	140	
acc atg tcg ttg atc cac gac gac ttg cct tgt atg gat aac gac gat			480
Thr Met Ser Leu Ile His Asp Asp Leu Pro Cys Met Asp Asn Asp Asp			
145	150	155	160
ctc cgc cgc gga aag ccc acg aat cac aaa gtt tac ggc gaa gac gtg			528
Leu Arg Arg Gly Lys Pro Thr Asn His Lys Val Tyr Gly Glu Asp Val			
165	170	175	
gcg gtt tta gcc gga gac gcg ctt ctt tcg ttc gcc ttc gag cat tta			576
Ala Val Leu Ala Gly Asp Ala Leu Leu Ser Phe Ala Phe Glu His Leu			
180	185	190	
gcg tcg gct acg agc tcg gag gtt tct ccg gcg aga gtg gtt aga gct			624
Ala Ser Ala Thr Ser Ser Glu Val Ser Pro Ala Arg Val Val Arg Ala			
195	200	205	
gtg gga gag ttg gct aaa gcc atc ggc acc gaa ggg ctc gtg gcg gga			672
Val Gly Glu Leu Ala Lys Ala Ile Gly Thr Glu Gly Leu Val Ala Gly			
210	215	220	
caa gtg gtg gat ata agc agt gaa ggg ttg gac tta aac aac gtc gga			720
Gln Val Val Asp Ile Ser Ser Glu Gly Leu Asp Leu Asn Asn Val Gly			
225	230	235	240
ttg gag cat ttg aag ttt ata cat ttg cat aaa acg gcg gcg ttg ctt			768
Leu Glu His Leu Lys Phe Ile His Leu His Lys Thr Ala Ala Leu Leu			
245	250	255	
gaa gct tca gcg gtt ttg ggt ggg atc atc ggt gga ggg agt gat gaa			816
Glu Ala Ser Ala Val Leu Gly Gly Ile Ile Gly Gly Ser Asp Glu			
260	265	270	
gag atc gag agg ctg agg aag ttc gcg agg tgt att ggg ttg ttg ttt			864
Glu Ile Glu Arg Leu Arg Lys Phe Ala Arg Cys Ile Gly Leu Leu Phe			
275	280	285	
cag gtg gtt gat gat atc ttg gac gtg acg aaa tcg tct caa gaa ctg			912
Gln Val Val Asp Asp Ile Leu Asp Val Thr Lys Ser Ser Gln Glu Leu			
290	295	300	
ggg aaa acc gct ggg aaa gat ttg att gct gat aag ttg act tat ccg			960

125

Gly Lys Thr Ala Gly Lys Asp Leu Ile Ala Asp Lys Leu Thr Tyr Pro
305 310 315 320

aag ctc atg ggt ttg gag aaa tcg aga gag ttc gct gag aag ttg aat 1008
Lys Leu Met Gly Leu Glu Lys Ser Arg Glu Phe Ala Glu Lys Leu Asn
325 330 335

aca gag gca cgt gat cag ctt tta ggg ttt gat tcc gac aag gtt gct 1056
Thr Glu Ala Arg Asp Gln Leu Leu Gly Phe Asp Ser Asp Lys Val Ala
340 345 350

cct ttg ttg gct ttg gct aat tac att gcc aat aga cag aac tga 1101
Pro Leu Leu Ala Leu Ala Asn Tyr Ile Ala Asn Arg Gln Asn
355 360 365

<210> 68

<211> 366

<212> PRT

<213> Sinabs alba

<400> 68

Met Ala Ser Ser Val Thr Pro Leu Gly Ser Trp Val Leu Leu His His
1 5 10 15

His Pro Ser Thr Ile Leu Thr Gln Ser Arg Ser Arg Ser Pro Pro Ser
20 25 30

Leu Ile Thr Leu Lys Pro Ile Ser Leu Thr Pro Lys Arg Thr Val Ser
35 40 45

Ser Ser Ser Ser Ser Leu Ile Thr Lys Glu Asp Asn Asn Leu Lys
50 55 60

Ser Ser Ser Ser Phe Asp Phe Met Ser Tyr Ile Ile Arg Lys Ala
65 70 75 80

Asp Ser Val Asn Lys Ala Leu Asp Ser Ala Val Pro Leu Arg Glu Pro
85 90 95

Leu Lys Ile His Glu Ala Met Arg Tyr Ser Leu Leu Ala Gly Gly Lys
100 105 110

Arg Val Arg Pro Val Leu Cys Ile Ala Ala Cys Glu Leu Val Gly Gly
115 120 125

Glu Glu Ser Leu Ala Met Pro Ala Arg Cys Ala Val Glu Met Ile His
130 135 140

Thr Met Ser Leu Ile His Asp Asp Leu Pro Cys Met Asp Asn Asp Asp
145 150 155 160

Leu Arg Arg Gly Lys Pro Thr Asn His Lys Val Tyr Gly Glu Asp Val
165 170 175

Ala Val Leu Ala Gly Asp Ala Leu Leu Ser Phe Ala Phe Glu His Leu
180 185 190

Ala Ser Ala Thr Ser Ser Glu Val Ser Pro Ala Arg Val Val Arg Ala
195 200 205

Val Gly Glu Leu Ala Lys Ala Ile Gly Thr Glu Gly Leu Val Ala Gly
210 215 220

Gln Val Val Asp Ile Ser Ser Glu Gly Leu Asp Leu Asn Asn Val Gly
225 230 235 240

Leu Glu His Leu Lys Phe Ile His Leu His Lys Thr Ala Ala Leu Leu
245 250 255

Glu Ala Ser Ala Val Leu Gly Gly Ile Ile Gly Gly Ser Asp Glu
260 265 270

Glu Ile Glu Arg Leu Arg Lys Phe Ala Arg Cys Ile Gly Leu Leu Phe
275 280 285

Gln Val Val Asp Asp Ile Leu Asp Val Thr Lys Ser Ser Gln Glu Leu
290 295 300

Gly Lys Thr Ala Gly Lys Asp Leu Ile Ala Asp Lys Leu Thr Tyr Pro
305 310 315 320

Lys Leu Met Gly Leu Glu Lys Ser Arg Glu Phe Ala Glu Lys Leu Asn
325 330 335

Thr Glu Ala Arg Asp Gln Leu Leu Gly Phe Asp Ser Asp Lys Val Ala
 340 345 350

Pro Leu Leu Ala Leu Ala Asn Tyr Ile Ala Asn Arg Gln Asn
 355 360 365

<210> 69

<211> 930

<212> DNA

<213> Erwinia uredovora

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(930)

<223>

<400> 69
 atg aat aat ccg tcg tta ctc aat cat gcg gtc gaa acg atg gca gtt 48
 Met Asn Asn Pro Ser Leu Leu Asn His Ala Val Glu Thr Met Ala Val
 1 5 10 15

ggc tcg aaa agt ttt gcg aca gcc tca aag tta ttt gat gca aaa acc 96
 Gly Ser Lys Ser Phe Ala Thr Ala Ser Lys Leu Phe Asp Ala Lys Thr
 20 25 30

cgg cgc agc gta ctg atg ctc tac gcc tgg tgc cgc cat tgt gac gat 144
 Arg Arg Ser Val Leu Met Leu Tyr Ala Trp Cys Arg His Cys Asp Asp
 35 40 45

gtt att gac gat cag acg ctg ggc ttt cag gcc cgg cag cct gcc tta 192
 Val Ile Asp Asp Gln Thr Leu Gly Phe Gln Ala Arg Gln Pro Ala Leu
 50 55 60

caa acg ccc gaa caa cgt ctg atg caa ctt gag atg aaa acg cgc cag 240
 Gln Thr Pro Glu Gln Arg Leu Met Gln Leu Glu Met Lys Thr Arg Gln
 65 70 75 80

gcc tat gca gga tcg cag atg cac gaa ccg gcg ttt gcg gct ttt cag 288
 Ala Tyr Ala Gly Ser Gln Met His Glu Pro Ala Phe Ala Phe Gln
 85 90 95

gaa gtg gct atg gct cat gat atc gcc ccg gct tac gcg ttt gat cat 336
 Glu Val Ala Met Ala His Asp Ile Ala Pro Ala Tyr Ala Phe Asp His
 100 105 110

ctg gaa ggc ttc gcc atg gat gta cgc gaa gcg caa tac agc caa ctg Leu Glu Gly Phe Ala Met Asp Val Arg Glu Ala Gln Tyr Ser Gln Leu 115 120 125	384
gat gat acg ctg cgc tat tgc tat cac gtt gca ggc gtt gtc ggc ttg Asp Asp Thr Leu Arg Tyr Cys Tyr His Val Ala Gly Val Val Gly Leu 130 135 140	432
atg atg gcg caa atc atg ggc gtg cgg gat aac gcc acg ctg gac cgc Met Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr Leu Asp Arg 145 150 155 160	480
gcc tgt gac ctt ggg ctg gca ttt cag ttg acc aat att gct cgc gat Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile Ala Arg Asp 165 170 175	528
att gtg gac gat gcg cat gcg ggc cgc tgt tat ctg ccg gca agc tgg Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro Ala Ser Trp 180 185 190	576
ctg gag cat gaa ggt ctg aac aaa gag aat tat gcg gca cct gaa aac Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala Pro Glu Asn 195 200 205	624
cgt cag gcg ctg agc cgt atc gcc cgt cgt ttg gtg cag gaa gca gaa Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val Gln Glu Ala Glu 210 215 220	672
cct tac tat ttg tct gcc aca gcc ggc ctg gca ggg ttg ccc ctg cgt Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala Gly Leu Pro Leu Arg 225 230 235 240	720
tcc gcc tgg gca atc gct acg gcg aag cag gtt tac cgg aaa ata ggt Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln Val Tyr Arg Lys Ile Gly 245 250 255	768
gtc aaa gtt gaa cag gcc ggt cag caa gcc tgg gat cag cgg cag tca Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln Ala Trp Asp Gln Arg Gln Ser 260 265 270	816
acg acc acg ccc gaa aaa tta acg ctg ctg gcc gcc tct ggt cag Thr Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr Leu Leu Leu Ala Ala Ser Gly Gln 275 280 285	864
gcc ctt act tcc cgg atg cgg gct cat cct ccc cgc cct gcg cat ctc Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg Ala His Pro Pro Arg Pro Ala His Leu 290 295 300	912
tgg cag cgc ccg ctc tag Trp Gln Arg Pro Leu 305	930

<211> 309

<212> PRT

<213> Erwinia uredovora

<400> 70

Met Asn Asn Pro Ser Leu Leu Asn His Ala Val Glu Thr Met Ala Val
1 5 10 15

Gly Ser Lys Ser Phe Ala Thr Ala Ser Lys Leu Phe Asp Ala Lys Thr
20 25 30

Arg Arg Ser Val Leu Met Leu Tyr Ala Trp Cys Arg His Cys Asp Asp
35 40 45

Val Ile Asp Asp Gln Thr Leu Gly Phe Gln Ala Arg Gln Pro Ala Leu
50 55 60

Gln Thr Pro Glu Gln Arg Leu Met Gln Leu Glu Met Lys Thr Arg Gln
65 70 75 80

Ala Tyr Ala Gly Ser Gln Met His Glu Pro Ala Phe Ala Ala Phe Gln
85 90 95

Glu Val Ala Met Ala His Asp Ile Ala Pro Ala Tyr Ala Phe Asp His
100 105 110

Leu Glu Gly Phe Ala Met Asp Val Arg Glu Ala Gln Tyr Ser Gln Leu
115 120 125

Asp Asp Thr Leu Arg Tyr Cys Tyr His Val Ala Gly Val Val Gly Leu
130 135 140

Met Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr Leu Asp Arg
145 150 155 160

Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile Ala Arg Asp
165 170 175

Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro Ala Ser Trp
180 185 190

Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala Pro Glu Asn
195 200 205

Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val Gln Glu Ala Glu
210 215 220

Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala Gly Leu Pro Leu Arg
225 230 235 240

Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln Val Tyr Arg Lys Ile Gly
245 250 255

Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln Ala Trp Asp Gln Arg Gln Ser
260 265 270

Thr Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr Leu Leu Leu Ala Ala Ser Gly Gln
275 280 285

Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg Ala His Pro Pro Arg Pro Ala His Leu
290 295 300

Trp Gln Arg Pro Leu
305

<210> 71

<211> 1479

<212> .DNA.

<213> *Erwinia uredovora*

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1479)

<223>

<400> 71

atg aaa cca act acg gta att ggt gca ggc ttc ggt ggc ctg gca ctg

Met Lys Pro Thr Thr Val Ile Gly Ala Gly Phe Gly Gly Leu Ala Leu				
1	5	10	15	
gca att cgt cta caa gct gcg ggg atc ccc gtc tta ctg ctt gaa caa				96
Ala Ile Arg Leu Gln Ala Ala Gly Ile Pro Val Leu Leu Leu Glu Gln				
20	25	30		
cgt gat aaa ccc ggc ggt cggt gct tat gtc tac gag gat cag ggg ttt				144
Arg Asp Lys Pro Gly Gly Arg Ala Tyr Val Tyr Glu Asp Gln Gly Phe				
35	40	45		
acc ttt gat gca ggc ccg acg gtt atc acc gat ccc agt gcc att gaa				192
Thr Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile Thr Asp Pro Ser Ala Ile Glu				
50	55	60		
gaa ctg ttt gca ctg gca gga aaa cag tta aaa gag tat gtc gaa ctg				240
Glu Leu Phe Ala Leu Ala Gly Lys Gln Leu Lys Glu Tyr Val Glu Leu				
65	70	75	80	
ctg ccg gtt acg ccg ttt tac cgc ctg tgt tgg gag tca ggg aag gtc				288
Leu Pro Val Thr Pro Phe Tyr Arg Leu Cys Trp Glu Ser Gly Lys Val				
85	90	95		
ttt aat tac gat aac gat caa acc ccg ctc gaa gcg cag att cag cag				336
Phe Asn Tyr Asp Asn Asp Gln Thr Arg Leu Glu Ala Gln Ile Gln Gln				
100	105	110		
ttt aat ccc cgc gat gtc gaa ggt tat cgt cag ttt ctg gac tat tca				384
Phe Asn Pro Arg Asp Val Glu Gly Tyr Arg Gln Phe Leu Asp Tyr Ser				
115	120	125		
cgc gcg gtg ttt aaa gaa ggc tat cta aag ctc ggt act gtc cct ttt				432
Arg Ala Val Phe Lys Glu Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Thr Val Pro Phe				
130	135	140		
tta tcg ttc aga gac atg ctt cgc gcc gca cct caa ctg gcg aaa ctg				480
Leu Ser Phe Arg Asp Met Leu Arg Ala Ala Pro Gln Leu Ala Lys Leu				
145	150	155	160	
cag gca tgg aga agc gtt tac agt aag gtt gcc agt tac atc gaa gat				528
Gln Ala Trp Arg Ser Val Tyr Ser Lys Val Ala Ser Tyr Ile Glu Asp				
165	170	175		
gaa cat ctg cgc cag gcg ttt tct ttc cac tcg ctg ttg gtg ggc ggc				576
Glu His Leu Arg Gln Ala Phe Ser Phe His Ser Leu Leu Val Gly Gly				
180	185	190		
aat ccc ttc gcc acc tca tcc att tat acg ttg ata cac gcg ctg gag				624
Asn Pro Phe Ala Thr Ser Ser Ile Tyr Thr Leu Ile His Ala Leu Glu				
195	200	205		
cgt gag tgg ggc gtc tgg ttt ccg cgt ggc ggc acc ggc gca tta gtt				672
Arg Glu Trp Gly Val Trp Phe Pro Arg Gly Gly Thr Gly Ala Leu Val				
210	215	220		
cag ggg atg ata aag ctg ttt cag gat ctg ggt ggc gaa gtc gtg tta				720

Gln Gly Met Ile Lys Leu Phe Gln Asp Leu Gly Gly Glu Val Val Leu			
225	230	235	240
aac gcc aga gtc agc cat atg gaa acg aca gga aac aag att gaa gcc			768
Asn Ala Arg Val Ser His Met Glu Thr Thr Gly Asn Lys Ile Glu Ala			
245	250	255	
gtg cat tta gag gac ggt cgc agg ttc ctg acg caa gcc gtc gcg tca			816
Val His Leu Glu Asp Gly Arg Arg Phe Leu Thr Gln Ala Val Ala Ser			
260	265	270	
aat gca gat gtg gtt cat acc tat cgc gac ctg tta agc cag cac cct			864
Asn Ala Asp Val Val His Thr Tyr Arg Asp Leu Leu Ser Gln His Pro			
275	280	285	
gcc gcg gtt aag cag tcc aac aaa ctg cag act aag cgc atg agt aac			912
Ala Ala Val Lys Gln Ser Asn Lys Leu Gln Thr Lys Arg Met Ser Asn			
290	295	300	
tct ctg ttt gtg ctc tat ttt ggt ttg aat cac cat cat gat cag ctc			960
Ser Leu Phe Val Leu Tyr Phe Gly Leu Asn His His His Asp Gln Leu			
305	310	315	320
gcg cat cac acg gtt tgt ttc ggc ccg cgt tac cgc gag ctg att gac			1008
Ala His His Thr Val Cys Phe Gly Pro Arg Tyr Arg Glu Leu Ile Asp			
325	330	335	
gaa att ttt aat cat gat ggc ctc gca gag gac ttc tca ctt tat ctg			1056
Glu Ile Phe Asn His Asp Gly Leu Ala Glu Asp Phe Ser Leu Tyr Leu			
340	345	350	
cac gcg ccc tgt gtc acg gat tcg tca ctg gcg cct gaa ggt tgc ggc			1104
His Ala Pro Cys Val Thr Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly Cys Gly			
355	360	365	
agt tac tat gtg ttg gcg ccg gtg ccg cat tta ggc acc gcg aac ctc			1152
Ser Tyr Tyr Val Leu Ala Pro Val Pro His Leu Gly Thr Ala Asn Leu			
370	375	380	
gac tgg acg gtt gag ggg cca aaa cta cgc gac cgt att ttt gcg tac			1200
Asp Trp Thr Val Glu Gly Pro Lys Leu Arg Asp Arg Ile Phe Ala Tyr			
385	390	395	400
ctt gag cag cat tac atg cct ggc tta cgg agt cag ctg gtc acg cac			1248
Leu Glu Gln His Tyr Met Pro Gly Leu Arg Ser Gln Leu Val Thr His			
405	410	415	
cgg atg ttt acg ccg ttt gat ttt cgc gac cag ctt aat gcc tat cat			1296
Arg Met Phe Thr Pro Phe Asp Phe Arg Asp Gln Leu Asn Ala Tyr His			
420	425	430	
ggc tca gcc ttt tct gtg gag ccc gtt ctt acc cag agc gcc tgg ttt			1344
Gly Ser Ala Phe Ser Val Glu Pro Val Leu Thr Gln Ser Ala Trp Phe			
435	440	445	
cgg ccg cat aac cgc gat aaa acc att act aat ctc tac ctg gtc ggc			1392

Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile Thr Asn Leu Tyr Leu Val Gly
 450 455 460

gca ggc acg cat ccc ggc gca ggc att cct ggc gtc atc ggc tcg gca 1440
 Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile Pro Gly Val Ile Gly Ser Ala
 465 470 475 480

aaa gcg aca gca ggt ttg atg ctg gag gat ctg ata tga 1479
 Lys Ala Thr Ala Gly Leu Met Leu Glu Asp Leu Ile
 485 490

<210> 72

<211> 492

<212> PRT

<213> Erwinia uredovora

<400> 72

Met Lys Pro Thr Thr Val Ile Gly Ala Gly Phe Gly Gly Leu Ala Leu
 1 5 10 15

Ala Ile Arg Leu Gln Ala Ala Gly Ile Pro Val Leu Leu Leu Glu Gln
 20 25 30

Arg Asp Lys Pro Gly Gly Arg Ala Tyr Val Tyr Glu Asp Gln Gly Phe
 35 40 45

Thr Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile Thr Asp Pro Ser Ala Ile Glu
 50 55 60

Glu Leu Phe Ala Leu Ala Gly Lys Gln Leu Lys Glu Tyr Val Glu Leu
 65 70 75 80

Leu Pro Val Thr Pro Phe Tyr Arg Leu Cys Trp Glu Ser Gly Lys Val
 85 90 95

Phe Asn Tyr Asp Asn Asp Gln Thr Arg Leu Glu Ala Gln Ile Gln Gln
 100 105 110

Phe Asn Pro Arg Asp Val Glu Gly Tyr Arg Gln Phe Leu Asp Tyr Ser
 115 120 125

Arg Ala Val Phe Lys Glu Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Thr Val Pro Phe
130 135 140

Leu Ser Phe Arg Asp Met Leu Arg Ala Ala Pro Gln Leu Ala Lys Leu
145 150 155 160

Gln Ala Trp Arg Ser Val Tyr Ser Lys Val Ala Ser Tyr Ile Glu Asp
165 170 175

Glu His Leu Arg Gln Ala Phe Ser Phe His Ser Leu Leu Val Gly Gly
180 185 190

Asn Pro Phe Ala Thr Ser Ser Ile Tyr Thr Leu Ile His Ala Leu Glu
195 200 205

Arg Glu Trp Gly Val Trp Phe Pro Arg Gly Gly Thr Gly Ala Leu Val
210 215 220

Gln Gly Met Ile Lys Leu Phe Gln Asp Leu Gly Gly Glu Val Val Leu
225 230 235 240

Asn Ala Arg Val Ser His Met Glu Thr Thr Gly Asn Lys Ile Glu Ala
245 250 255

Val His Leu Glu Asp Gly Arg Arg Phe Leu Thr Gln Ala Val Ala Ser
260 265 270

Asn Ala Asp Val Val His Thr Tyr Arg Asp Leu Leu Ser Gln His Pro
275 280 285

Ala Ala Val Lys Gln Ser Asn Lys Leu Gln Thr Lys Arg Met Ser Asn
290 295 300

Ser Leu Phe Val Leu Tyr Phe Gly Leu Asn His His His Asp Gln Leu
305 310 315 320

Ala His His Thr Val Cys Phe Gly Pro Arg Tyr Arg Glu Leu Ile Asp
325 330 335

Glu Ile Phe Asn His Asp Gly Leu Ala Glu Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
340 345 350

His Ala Pro Cys Val Thr Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly Cys Gly

355

360

365

Ser Tyr Tyr Val Leu Ala Pro Val Pro His Leu Gly Thr Ala Asn Leu

370

375

380

Asp Trp Thr Val Glu Gly Pro Lys Leu Arg Asp Arg Ile Phe Ala Tyr

385

390

395

400

Leu Glu Gln His Tyr Met Pro Gly Leu Arg Ser Gln Leu Val Thr His

405

410

415

Arg Met Phe Thr Pro Phe Asp Phe Arg Asp Gln Leu Asn Ala Tyr His

420

425

430

Gly Ser Ala Phe Ser Val Glu Pro Val Leu Thr Gln Ser Ala Trp Phe

435

440

445

Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile Thr Asn Leu Tyr Leu Val Gly

450

455

460

Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile Pro Gly Val Ile Gly Ser Ala

465

470

475

480

Lys Ala Thr Ala Gly Leu Met Leu Glu Asp Leu Ile

485

490

<210> 73

<211> 1725

<212> DNA

<213> Narcissus pseudonarcissus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1725)

<223>

<400> 73
atg gct tct tcc act tgt tta att cat tct tcc tct ttt ggg gtt gga 48
Met Ala Ser Ser Thr Cys Leu Ile His Ser Ser Ser Phe Gly Val Gly
1 5 10 15

gga aag aaa gtg aag aac acg atg att cga tcg aag ttg ttt tca 96
Gly Lys Lys Val Lys Met Asn Thr Met Ile Arg Ser Lys Leu Phe Ser
20 25 30

att cgg tcg gct ttg gac act aag gtg tct gat atg agc gtc aat gct 144.
Ile Arg Ser Ala Leu Asp Thr Lys Val Ser Asp Met Ser Val Asn Ala
35 40 45

cca aaa gga ttg ttt cca cca gag cct gag cac tac agg ggg cca aag 192
Pro Lys Gly Leu Phe Pro Pro Glu Pro Glu His Tyr Arg Gly Pro Lys
50 55 60

ctt aaa gtg gct atc att gga gct ggg ctc gct ggc atg tca act gca 240
Leu Lys Val Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Met Ser Thr Ala
65 70 75 80

gtg gag ctt ttg gat caa ggg cat gag gtt gac ata tat gaa tcc aga 288
Val Glu Leu Leu Asp Gln Gly His Glu Val Asp Ile Tyr Glu Ser Arg
85 90 95

caa ttt att ggt ggt aaa gtc ggt tct ttt gta gat aag cgt gga aac 336
Gln Phe Ile Gly Lys Val Gly Ser Phe Val Asp Lys Arg Gly Asn
100 105 110

cat att gaa atg gga ctc cat gtg ttt ttt ggt tgc tat aac aat ctt 384
His Ile Glu Met Gly Leu His Val Phe Phe Gly Cys Tyr Asn Asn Leu
115 120 125

tcc aga ctt atg aaa aag gta ggt gca gat gaa aat tta ctg gtg aag 432
Phe Arg Leu Met Lys Lys Val Gly Ala Asp Glu Asn Leu Leu Val Lys
130 135 140

gat cat act cat acc ttt gta aac cga ggt gga gaa att ggt gaa ctt 480
Asp His Thr His Thr Phe Val Asn Arg Gly Gly Glu Ile Gly Glu Leu
145 150 155 160

gat ttc cga ctt ccg atg ggt gca cca tta cat ggt att cgt gca ttt 528
Asp Phe Arg Leu Pro Met Gly Ala Pro Leu His Gly Ile Arg Ala Phe
165 170 175

cta aca act aat caa ctg aag cct tat gat aaa gca agg aat gct gtg 576
Leu Thr Thr Asn Gln Leu Lys Pro Tyr Asp Lys Ala Arg Asn Ala Val
180 185 190

gct ctt gcc ctt agc cca gtt gta cgt gct ctt att gat cca aat ggt 624
Ala Leu Ala Leu Ser Pro Val Val Arg Ala Leu Ile Asp Pro Asn Gly
195 200 205

gca atg cag gat ata agg aac tta gat aat att agc ttt tct gat tgg 672
Ala Met Gln Asp Ile Arg Asn Leu Asp Asn Ile Ser Phe Ser Asp Trp
210 215 220

ttc tta tcc aaa ggc ggt acc cgc atg agc atc caa agg atg tgg gat Phe Leu Ser Lys Gly Gly Thr Arg Met Ser Ile Gln Arg Met Trp Asp 225 230 235 240	720
cca gtt gct tat gcc ctc gga ttt att gac tgt gat aat atc agt gcc Pro Val Ala Tyr Ala Leu Gly Phe Ile Asp Cys Asp Asn Ile Ser Ala 245 250 255	768
cgt tgt atg ctt act ata ttt tct cta ttt gct act aag aca gaa gct Arg Cys Met Leu Thr Ile Phe Ser Leu Phe Ala Thr Lys Thr Glu Ala 260 265 270	816
tct ctg ttg cgt atg ttg aag ggt tcg cct gat gtt tac tta agc ggt Ser Leu Leu Arg Met Leu Lys Gly Ser Pro Asp Val Tyr Leu Ser Gly 275 280 285	864
cct ata aga aag tat att aca gat aaa ggt gga agg ttt cac cta agg Pro Ile Arg Lys Tyr Ile Thr Asp Lys Gly Arg Phe His Leu Arg 290 295 300	912
tgg ggg tgt aga gag ata ctt tat gat gaa cta tca aat ggc gac aca Trp Gly Cys Arg Glu Ile Leu Tyr Asp Glu Leu Ser Asn Gly Asp Thr 305 310 315 320	960
tat atc aca ggc att gca atg tcg aag gct acc aat aaa aaa ctt gtg Tyr Ile Thr Gly Ile Ala Met Ser Lys Ala Thr Asn Lys Lys Leu Val 325 330 335	1008
aaa gct gac gtg tat gtt gca gca tgt gat gtt cct gga ata aaa agg Lys Ala Asp Val Tyr Val Ala Ala Cys Asp Val Pro Gly Ile Lys Arg 340 345 350	1056
ttg atc cca tcg gag tgg aga gaa tgg gat cta ttt gac aat atc tat Leu Ile Pro Ser Glu Trp Arg Glu Trp Asp Leu Phe Asp Asn Ile Tyr 355 360 365	1104
aaa cta gtt gga gtt cca gtt gtc act gtt cag ctt agg tac aat ggt Lys Leu Val Gly Val Pro Val Val Thr Val Gln Leu Arg Tyr Asn Gly 370 375 380	1152
tgg gtg aca gag atg caa gat ctg gaa aaa tca agg cag ttg aga gct Trp Val Thr Glu Met Gln Asp Leu Glu Lys Ser Arg Gln Leu Arg Ala 385 390 395 400	1200
gca gta gga ttg gat aat ctt ctt tat act cca gat gca gac ttt tct Ala Val Gly Leu Asp Asn Leu Leu Tyr Thr Pro Asp Ala Asp Phe Ser 405 410 415	1248
tgt ttt tct gat ctt gca ctc tcg cct gaa gat tat tat att gaa Cys Phe Ser Asp Leu Ala Leu Ser Ser Pro Glu Asp Tyr Tyr Ile Glu 420 425 430	1296
gga caa ggg tcc cta ata cag gct gtt ctc acg cca ggg gat cca tac Gly Gln Gly Ser Leu Ile Gln Ala Val Leu Thr Pro Gly Asp Pro Tyr 435 440 445	1344

atg ccc cta cct aat gat gca att ata gaa aga gtt cg^g aaa cag gtt 1392
Met Pro Leu Pro Asn Asp Ala Ile Ile Glu Arg Val Arg Lys Gln Val
450 455 460

ttg gat tta ttc cca tcc tct caa ggc ctg gaa gtt cta tgg tct tcg 1440
 Leu Asp Leu Phe Pro Ser Ser Gln Gly Leu Glu Val Leu Trp Ser Ser
 465 470 475 480

gtg gtt aaa atc gga caa tcc cta tat cg_g gag ggg cct gga aag gac 1488
 Val Val Lys Ile Gly Gln Ser Leu Tyr Arg Glu Gly Pro Gly Lys Asp
 485 490 495

```

cca ttc aga cct gat cag aag aca cca gta aaa aat ttc ttc ctt gca      1536
Pro Phe Arg Pro Asp Gln Lys Thr Pro Val Lys Asn Phe Phe Leu Ala
      500          505          510

```

ggg tca tac acc aaa cag gat tac att gac agt atg gaa gga gcg acc 1584
 Gly Ser Tyr Thr Lys Gln Asp Tyr Ile Asp Ser Met Glu Gly Ala Thr
 515 520 525

ctc tcg ggg aga caa gca gct gca tat atc tgc agc gcc ggt gaa gat 1632
 Leu Ser Gly Arg Gln Ala Ala Ala Tyr Ile Cys Ser Ala Gly Glu Asp
 530 535 540

ctg gca gca ctt cgc aag aag atc gct gct gat cat cca gag caa ctg 1680
 Leu Ala Ala Leu Arg Lys Lys Ile Ala Ala Asp His Pro Glu Gln Leu
 545 550 555 560

atc aac aaa gat tct aac gtg tcg gat gaa ctg agt ctc gta taa 1725
 Ile Asn Lys Asp Ser Asn Val Ser Asp Glu Leu Ser Leu Val
 565 570

-818- 227

-213- *Narcissus pseudonarcissus*

<400> 74

Gly Lys Lys Val Lys Met Asn Thr Met Ile Arg Ser Lys Leu Phe Ser
.....
..... 20 25 30

Ile Arg Ser Ala Leu Asp Thr Lys Val Ser Asp Met Ser Val Asn Ala
35 40 45

Pro Lys Gly Leu Phe Pro Pro Glu Pro Glu His Tyr Arg Gly Pro Lys
50 55 60

Leu Lys Val Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Met Ser Thr Ala
65 70 75 80

Val Glu Leu Leu Asp Gln Gly His Glu Val Asp Ile Tyr Glu Ser Arg
85 90 95

Gln Phe Ile Gly Gly Lys Val Gly Ser Phe Val Asp Lys Arg Gly Asn
100 105 110

His Ile Glu Met Gly Leu His Val Phe Phe Gly Cys Tyr Asn Asn Leu
115 120 125

Phe Arg Leu Met Lys Lys Val Gly Ala Asp Glu Asn Leu Leu Val Lys
130 135 140

Asp His Thr His Thr Phe Val Asn Arg Gly Gly Glu Ile Gly Glu Leu
145 150 155 160

Asp Phe Arg Leu Pro Met Gly Ala Pro Leu His Gly Ile Arg Ala Phe
165 170 175

Leu Thr Thr Asn Gln Leu Lys Pro Tyr Asp Lys Ala Arg Asn Ala Val
180 185 190

Ala Leu Ala Leu Ser Pro Val Val Arg Ala Leu Ile Asp Pro Asn Gly
195 200 205

Ala Met Gln Asp Ile Arg Asn Leu Asp Asn Ile Ser Phe Ser Asp Trp
210 215 220

Phe Leu Ser Lys Gly Gly Thr Arg Met Ser Ile Gln Arg Met Trp Asp
225 230 235 240

Pro Val Ala Tyr Ala Leu Gly Phe Ile Asp Cys Asp Asn Ile Ser Ala
245 250 255

Arg Cys Met Leu Thr Ile Phe Ser Leu Phe Ala Thr Lys Thr Glu Ala
260 265 270

Ser Leu Leu Arg Met Leu Lys Gly Ser Pro Asp Val Tyr Leu Ser Gly
275 280 285

Pro Ile Arg Lys Tyr Ile Thr Asp Lys Gly Gly Arg Phe His Leu Arg
290 295 300

Trp Gly Cys Arg Glu Ile Leu Tyr Asp Glu Leu Ser Asn Gly Asp Thr
305 310 315 320

Tyr Ile Thr Gly Ile Ala Met Ser Lys Ala Thr Asn Lys Lys Leu Val
325 330 335

Lys Ala Asp Val Tyr Val Ala Ala Cys Asp Val Pro Gly Ile Lys Arg
340 345 350

Leu Ile Pro Ser Glu Trp Arg Glu Trp Asp Leu Phe Asp Asn Ile Tyr
355 360 365

Lys Leu Val Gly Val Pro Val Val Thr Val Gln Leu Arg Tyr Asn Gly
370 375 380

Trp Val Thr Glu Met Gln Asp Leu Glu Lys Ser Arg Gln Leu Arg Ala
385 390 395 400

Ala Val Gly Leu Asp Asn Leu Leu Tyr Thr Pro Asp Ala Asp Phe Ser
405 410 415

Cys Phe Ser Asp Leu Ala Leu Ser Ser Pro Glu Asp Tyr Tyr Ile Glu
420 425 430

Gly Gln Gly Ser Leu Ile Gln Ala Val Leu Thr Pro Gly Asp Pro Tyr
435 440 445

Met Pro Leu Pro Asn Asp Ala Ile Ile Glu Arg Val Arg Lys Gln Val
450 455 460

Leu Asp Leu Phe Pro Ser Ser Gln Gly Leu Glu Val Leu Trp Ser Ser
465 470 475 480

Val Val Lys Ile Gly Gln Ser Leu Tyr Arg Glu Gly Pro Gly Lys Asp
485 490 495

Pro Phe Arg Pro Asp Gln Lys Thr Pro Val Lys Asn Phe Phe Leu Ala
 500 505 510

Gly Ser Tyr Thr Lys Gln Asp Tyr Ile Asp Ser Met Glu Gly Ala Thr
 515 520 525

Leu Ser Gly Arg Gln Ala Ala Ala Tyr Ile Cys Ser Ala Gly Glu Asp
 530 535 540

Leu Ala Ala Leu Arg Lys Lys Ile Ala Ala Asp His Pro Glu Gln Leu
 545 550 555 560

Ile Asn Lys Asp Ser Asn Val Ser Asp Glu Leu Ser Leu Val
 565 570

<210> 75

<211> 1848

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1848)

<223>

<400> 75

atg tgt acc ttg agt ttt atg tat cct aat tca ctt ctt gat ggt acc
 Met Cys Thr Leu Ser Phe Met Tyr Pro Asn Ser Leu Leu Asp Gly Thr
 1 5 10 15

48

tgc aag act gta gct ttg ggt gat agc aaa cca aga tac aat aaa cag
 Cys Lys Thr Val Ala Leu Gly Asp Ser Lys Pro Arg Tyr Asn Lys Gln
 20 25 30

96

aga agt tct tgt ttt gac cct ttg ata att gga aat tgt act gat cag
 Arg Ser Ser Cys Phe Asp Pro Leu Ile Ile Gly Asn Cys Thr Asp Gln
 35 40 45

144

cag cag ctt tgt ggc ttg agt tgg ggg gtg gac aag gct aag gga aga

192

Gln Gln Leu Cys Gly Leu Ser Trp Gly Val Asp Lys Ala Lys Gly Arg			
50	55	60	
aga ggg ggt act gtt tcc aat ttg aaa gca gtt gta gat gta gac aaa			
Arg Gly Gly Thr Val Ser Asn Leu Lys Ala Val Val Asp Val Asp Lys			
65	70	75	80
aga gtg gag agc tat ggc agt agt gat gta gaa gga aat gag agt ggc			
Arg Val Glu Ser Tyr Gly Ser Ser Asp Val Glu Gly Asn Glu Ser Gly			
85	90	95	
agc tat gat gcc att gtt ata ggt tca gga ata ggt gga ttg gtg gca			
Ser Tyr Asp Ala Ile Val Ile Gly Ser Gly Ile Gly Gly Leu Val Ala			
100	105	110	
gcg acg cag ctg gcg gtt aag gga gct aag gtt tta gtt ctg gag aag			
Ala Thr Gln Leu Ala Val Lys Gly Ala Lys Val Leu Val Leu Glu Lys			
115	120	125	
tat gtt att cct ggt gga agc tct ggc ttt tac gag agg gat ggt tat			
Tyr Val Ile Pro Gly Gly Ser Ser Gly Phe Tyr Glu Arg Asp Gly Tyr			
130	135	140	
aag ttt gat ggt tca tca gtg atg ttt gga ttc agt gat aag gga			
Lys Phe Asp Val Gly Ser Ser Val Met Phe Gly Phe Ser Asp Lys Gly			
145	150	155	160
aac ctc aat tta att act caa gca ttg gca gca gta gga cgt aaa tta			
Asn Leu Asn Leu Ile Thr Gln Ala Leu Ala Ala Val Gly Arg Lys Leu			
165	170	175	
gaa gtt ata cct gac cca aca act gta cat ttc cac ctg cca aat gac			
Glu Val Ile Pro Asp Pro Thr Thr Val His Phe His Leu Pro Asn Asp			
180	185	190	
ctt tct gtt cgt ata cac cga gag tat gat gac ttc att gaa gag ctt			
Leu Ser Val Arg Ile His Arg Glu Tyr Asp Asp Phe Ile Glu Glu Leu			
195	200	205	
gtg agt aaa ttt cca cat gaa aag gaa ggg att atc aaa ttt tac agt			
Val Ser Lys Phe Pro His Glu Lys Glu Gly Ile Ile Lys Phe Tyr Ser			
210	215	220	
gaa tgc tgg aag atc ttt aat tct ctg aat tca ttg gaa ctg aag tct			
Glu Cys Trp Lys Ile Phe Asn Ser Leu Asn Ser Leu Glu Leu Lys Ser			
225	230	235	240
ttg gag gaa ccc atc tac ctt ttt ggc cag ttc ttt aag aag ccc ctt			
Leu Glu Glu Pro Ile Tyr Leu Phe Gly Gln Phe Phe Lys Lys Pro Leu			
245	250	255	
gaa tgc ttg act ctt gcc tac tat ttg ccc cag aat gct ggt agc atc			
Glu Cys Leu Thr Leu Ala Tyr Tyr Leu Pro Gln Asn Ala Gly Ser Ile			
260	265	270	
gct cgg aag tat ata aga gat cct ggg ttg ctg tct ttt ata gat gca			
			864

Ala Arg Lys Tyr Ile Arg Asp Pro Gly Leu Leu Ser Phe Ile Asp Ala			
275	280	285	
gag tgc ttt atc gtg agt aca gtt aat gca tta caa aca cca atg atc			912
Glu Cys Phe Ile Val Ser Thr Val Asn Ala Leu Gln Thr Pro Met Ile			
290	295	300	
aat gca agc atg gtt cta tgt gac aga cat ttt ggc gga atc aac tac			960
Asn Ala Ser Met Val Leu Cys Asp Arg His Phe Gly Gly Ile Asn Tyr			
305	310	315	320
ccc gtt ggt gga gtt ggc gag atc gcc aaa tcc tta gca aaa ggc ttg			1008
Pro Val Gly Gly Val Gly Glu Ile Ala Lys Ser Leu Ala Lys Gly Leu			
325	330	335	
gat gat cac gga agt cag ata ctt tat agg gca aat gtt aca agt atc			1056
Asp Asp His Gly Ser Gln Ile Leu Tyr Arg Ala Asn Val Thr Ser Ile			
340	345	350	
att ttg gac aat ggc aaa gct gtg gga gtg aag ctt tct gac ggg agg			1104
Ile Leu Asp Asn Gly Lys Ala Val Gly Val Lys Leu Ser Asp Gly Arg			
355	360	365	
aag ttt tat gct aaa acc ata gta tcg aat gct acc aga tgg gat act			1152
Lys Phe Tyr Ala Lys Thr Ile Val Ser Asn Ala Thr Arg Trp Asp Thr			
370	375	380	
ttt gga aag ctt tta aaa gct gag aat ctg cca aaa gaa gaa gaa aat			1200
Phe Gly Lys Leu Leu Lys Ala Glu Asn Leu Pro Lys Glu Glu Glu Asn			
385	390	395	400
ttc cag aaa gct tat gta aaa gca cct tct ttt ctt tct att cat atg			1248
Phe Gln Lys Ala Tyr Val Lys Ala Pro Ser Phe Leu Ser Ile His Met			
405	410	415	
gga gtt aaa gca gat gta ctc cca cca gac aca gat tgt cac cat ttt			1296
Gly Val Lys Ala Asp Val Leu Pro Pro Asp Thr Asp Cys His His Phe			
420	425	430	
gtc ctc gag gat gat tgg aca aat ttg gag aaa cca tat gga agt ata			1344
Val Leu Glu Asp Asp Trp Thr Asn Leu Glu Lys Pro Tyr Gly Ser Ile			
435	440	445	
ttc ttg agt att cca aca gtt ctt gat tcc tca ttg gcc cca gaa gga			1392
Phe Leu Ser Ile Pro Thr Val Leu Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly			
450	455	460	
cac cat att ctt cac att ttt aca aca tcg agc att gaa gat tgg gag			1440
His His Ile Leu His Ile Phe Thr Thr Ser Ser Ile Glu Asp Trp Glu			
465	470	475	480
gga ctc tct ccg aaa gac tat gaa gcg aag aaa gag gtt gtt gct gaa			1488
Gly Leu Ser Pro Lys Asp Tyr Glu Ala Lys Lys Glu Val Val Ala Glu			
485	490	495	
agg att ata agc aga ctt gaa aaa aca ctc ttc cca ggg ctt aag tca			1536

Arg Ile Ile Ser Arg Leu Glu Lys Thr Leu Phe Pro Gly Leu Lys Ser			
500	505	510	
tct att ctc ttt aag gag gtg gga act cca aag acc cac aga cga tac			1584
Ser Ile Leu Phe Lys Glu Val Gly Thr Pro Lys Thr His Arg Arg Tyr			
515	520	525	
ctt gct cgt gat agt ggt acc tat gga cca atg cca cgc gga aca cct			1632
Leu Ala Arg Asp Ser Gly Thr Tyr Gly Pro Met Pro Arg Gly Thr Pro			
530	535	540	
aag gga ctc ctg gga atg cct ttc aat acc act gct ata gat ggt cta			1680
Lys Gly Leu Leu Gly Met Pro Phe Asn Thr Ala Ile Asp Gly Leu			
545	550	555	560
tat tgt gtt ggc gat agt tgc ttc cca gga caa ggt gtt ata gct gta			1728
Tyr Cys Val Gly Asp Ser Cys Phe Pro Gly Gln Gly Val Ile Ala Val			
565	570	575	
gcc ttt tca gga gta atg tgc gct cat cgt gtt gca gct gac tta ggg			1776
Ala Phe Ser Gly Val Met Cys Ala His Arg Val Ala Ala Asp Leu Gly			
580	585	590	
ttt gaa aaa aaa tca gat gtg ctg gac agt gct ctt ctt aga cta ctt			1824
Phe Glu Lys Lys Ser Asp Val Leu Asp Ser Ala Leu Leu Arg Leu Leu			
595	600	605	
ggt tgg tta agg aca cta gca tga			1848
Gly Trp Leu Arg Thr Leu Ala			
610	615		

<210> 76

<211> 615

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 76

Met Cys Thr Leu Ser Phe Met Tyr Pro Asn Ser Leu Leu Asp Gly Thr		
1	5	10
		15

Cys Lys Thr Val Ala Leu Gly Asp Ser Lys Pro Arg Tyr Asn Lys Gln		
20	25	30

Arg Ser Ser Cys Phe Asp Pro Leu Ile Ile Gly Asn Cys Thr Asp Gln		
35	40	45

Gln Gln Leu Cys Gly Leu Ser Trp Gly Val Asp Lys Ala Lys Gly Arg
50 55 60

Arg Gly Gly Thr Val Ser Asn Leu Lys Ala Val Val Asp Val Asp Lys
65 70 75 80

Arg Val Glu Ser Tyr Gly Ser Ser Asp Val Glu Gly Asn Glu Ser Gly
85 90 95

Ser Tyr Asp Ala Ile Val Ile Gly Ser Gly Ile Gly Gly Leu Val Ala
100 105 110

Ala Thr Gln Leu Ala Val Lys Gly Ala Lys Val Leu Val Leu Glu Lys
115 120 125

Tyr Val Ile Pro Gly Gly Ser Ser Gly Phe Tyr Glu Arg Asp Gly Tyr
130 135 140

Lys Phe Asp Val Gly Ser Ser Val Met Phe Gly Phe Ser Asp Lys Gly
145 150 155 160

Asn Leu Asn Leu Ile Thr Gln Ala Leu Ala Ala Val Gly Arg Lys Leu
165 170 175

Glu Val Ile Pro Asp Pro Thr Thr Val His Phe His Leu Pro Asn Asp
180 185 190

Leu Ser Val Arg Ile His Arg Glu Tyr Asp Asp Phe Ile Glu Glu Leu
195 200 205

Val Ser Lys Phe Pro His Glu Lys Glu Gly Ile Ile Lys Phe Tyr Ser
210 215 220

Glu Cys Trp Lys Ile Phe Asn Ser Leu Asn Ser Leu Glu Leu Lys Ser
225 230 235 240

Leu Glu Glu Pro Ile Tyr Leu Phe Gly Gln Phe Phe Lys Lys Pro Leu
245 250 255

Glu Cys Leu Thr Leu Ala Tyr Tyr Leu Pro Gln Asn Ala Gly Ser Ile
260 265 270

Ala Arg Lys Tyr Ile Arg Asp Pro Gly Leu Leu Ser Phe Ile Asp Ala
275 280 285

Glu Cys Phe Ile Val Ser Thr Val Asn Ala Leu Gln Thr Pro Met Ile
290 295 300

Asn Ala Ser Met Val Leu Cys Asp Arg His Phe Gly Gly Ile Asn Tyr
305 310 315 320

Pro Val Gly Gly Val Gly Glu Ile Ala Lys Ser Leu Ala Lys Gly Leu
325 330 335

Asp Asp His Gly Ser Gln Ile Leu Tyr Arg Ala Asn Val Thr Ser Ile
340 345 350

Ile Leu Asp Asn Gly Lys Ala Val Gly Val Lys Leu Ser Asp Gly Arg
355 360 365

Lys Phe Tyr Ala Lys Thr Ile Val Ser Asn Ala Thr Arg Trp Asp Thr
370 375 380

Phe Gly Lys Leu Leu Lys Ala Glu Asn Leu Pro Lys Glu Glu Glu Asn
385 390 395 400

Phe Gln Lys Ala Tyr Val Lys Ala Pro Ser Phe Leu Ser Ile His Met
405 410 415

Gly Val Lys Ala Asp Val Leu Pro Pro Asp Thr Asp Cys His His Phe
420 425 430

Val Leu Glu Asp Asp Trp Thr Asn Leu Glu Lys Pro Tyr Gly Ser Ile
435 440 445

Phe Leu Ser Ile Pro Thr Val Leu Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly
450 455 460

His His Ile Leu His Ile Phe Thr Thr Ser Ser Ile Glu Asp Trp Glu
465 470 475 480

Gly Leu Ser Pro Lys Asp Tyr Glu Ala Lys Lys Glu Val Val Ala Glu
485 490 495

Arg Ile Ile Ser Arg Leu Glu Lys Thr Leu Phe Pro Gly Leu Lys Ser
500 505 510

Ser Ile Leu Phe Lys Glu Val Gly Thr Pro Lys Thr His Arg Arg Tyr
515 520 525

Leu Ala Arg Asp Ser Gly Thr Tyr Gly Pro Met Pro Arg Gly Thr Pro
530 535 540

Lys Gly Leu Leu Gly Met Pro Phe Asn Thr Thr Ala Ile Asp Gly Leu
545 550 555 560

Tyr Cys Val Gly Asp Ser Cys Phe Pro Gly Gln Gly Val Ile Ala Val
565 570 575

Ala Phe Ser Gly Val Met Cys Ala His Arg Val Ala Ala Asp Leu Gly
580 585 590

Phe Glu Lys Lys Ser Asp Val Leu Asp Ser Ala Leu Leu Arg Leu Leu
595 600 605

Gly Trp Leu Arg Thr Leu Ala
610 615

<210> 77

<211> 1233

<212> DNA

<213> Tagetes erecta

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1233)

<223>

<400> 77

atg gcc aca cac aaa ctc ctt caa ttc acc acc aat ctc cca cca tct
Met Ala Thr His Lys Leu Leu Gln Phe Thr Thr Asn Leu Pro Pro Ser
1 5 10 15

tct tct tca atc tct act ggc tgt tca ctc tcc ccc ttc ttc ctc aaa Ser Ser Ser Ile Ser Thr Gly Cys Ser Leu Ser Pro Phe Phe Leu Lys 20 25 30	96
tca tct tct cat tcc cct aac cct cgc cga cac cgc cgc tcc gcc gta Ser Ser Ser His Ser Pro Asn Pro Arg Arg His Arg Arg Ser Ala Val 35 40 45	144
tgc tgc tct ttc gcc tca ctc gac tct gca aaa atc aaa gtc gtt ggc Cys Cys Ser Phe Ala Ser Leu Asp Ser Ala Lys Ile Lys Val Val Gly 50 55 60	192
gtc ggt ggt ggt ggc aac aat gcc gtt aac cgc atg att ggt agc ggc Val Gly Gly Gly Asn Asn Ala Val Asn Arg Met Ile Gly Ser Gly 65 70 75 80	240
tta cag ggt gtt gat ttt tac gcc att aac acg gac tca caa gcg ctt Leu Gln Gly Val Asp Phe Tyr Ala Ile Asn Thr Asp Ser Gln Ala Leu 85 90 95	288
ctg caa tct gtt gca cat aac cct att caa att ggg gag ctt ttg act Leu Gln Ser Val Ala His Asn Pro Ile Gln Ile Gly Glu Leu Leu Thr 100 105 110	336
cgt gga tta ggt act ggt ggg aac ccg ctt ttg gga gaa cag gct gcg Arg Gly Leu Gly Thr Gly Asn Pro Leu Leu Gly Glu Gln Ala Ala 115 120 125	384
gag gag tcg aag gaa gcg att ggg aat gcg ctt aaa ggg tcg gat ctt Glu Glu Ser Lys Glu Ala Ile Gly Asn Ala Leu Lys Gly Ser Asp Leu 130 135 140	432
gtg ttt ata aca gca ggt atg ggt ggg acg ggt tcg ggt gct gct Val Phe Ile Thr Ala Gly Met Gly Gly Thr Gly Ser Gly Ala Ala 145 150 155 160	480
cca gtt gta gcg cag ata gcg aaa gaa gca ggg tat tta act gtt ggt Pro Val Val Ala Gln Ile Ala Lys Glu Ala Gly Tyr Leu Thr Val Gly 165 170 175	528
gtt gta acg tac cca ttc agc ttt gaa ggc cgt aaa aga tca gta cag Val Val Thr Tyr Pro Phe Ser Phe Glu Gly Arg Lys Arg Ser Val Gln 180 185 190	576
gcg tta gag gct att gag aag ctg caa aag aac gtt gac aca ctt ata Ala Leu Glu Ala Ile Glu Lys Leu Gln Lys Asn Val Asp Thr Leu Ile 195 200 205	624
gtg att cca aat gac cgt ttg ctg gat att gct gat gaa aac acg cct Val Ile Pro Asn Asp Arg Leu Leu Asp Ile Ala Asp Glu Asn Thr Pro 210 215 220	672
ctt cag gat gct ttt ctt ctt gct gat gat gta ctc cgc caa gga gtt Leu Gln Asp Ala Phe Leu Leu Ala Asp Asp Val Leu Arg Gln Gly Val 225 230 235 240	720

caa gga atc tca gat ata att aca ata cct ggg ctg gta aat gtg gac Gln Gly Ile Ser Asp Ile Ile Thr Ile Pro Gly Leu Val Asn Val Asp 245 250 255	768
ttt gca gac gtt aaa gca gtc atg aaa gat tct gga act gca atg ctt Phe Ala Asp Val Lys Ala Val Met Lys Asp Ser Gly Thr Ala Met Leu 260 265 270	816
ggt gtc ggt gtt tcc tca agt aaa aac cga gct gaa gaa gca gct gaa Gly Val Gly Val Ser Ser Lys Asn Arg Ala Glu Glu Ala Ala Glu 275 280 285	864
caa gca act ctt gct cct ttg att gga tca tca att caa tct gct aca Gln Ala Thr Leu Ala Pro Leu Ile Gly Ser Ser Ile Gln Ser Ala Thr 290 295 300	912
ggt gtt gtt tat aat att acc gga ggg aag gac ata act cta caa gaa Gly Val Val Tyr Asn Ile Thr Gly Gly Lys Asp Ile Thr Leu Gln Glu 305 310 315 320	960
gtc aac agg gtt tct cag gtg gta aca agt ttg gca gat cca tca gca Val Asn Arg Val Ser Gln Val Val Thr Ser Leu Ala Asp Pro Ser Ala 325 330 335	1008
aac att ata ttc ggg gca gtg gta gat gag aga tac aac ggg gag att Asn Ile Ile Phe Gly Ala Val Val Asp Glu Arg Tyr Asn Gly Glu Ile 340 345 350	1056
cat gtg acc att gtt gct act ggc ttt gcc cag tcg ttt cag aaa tct His Val Thr Ile Val Ala Thr Gly Phe Ala Gln Ser Phe Gln Lys Ser 355 360 365	1104.
ctt ctt gct gac ccg aaa gga gca aaa ctt gtt gat aga aat caa gaa Leu Leu Ala Asp Pro Lys Gly Ala Lys Leu Val Asp Arg Asn Gln Glu 370 375 380	1152
cct aca caa cct ttg act tcc gcg aga tct ttg aca aca cct tct cct Pro Thr Gln Pro Leu Thr Ser Ala Arg Ser Leu Thr Thr Pro Ser Pro 385 390 395 400	1200
gct ccg tct cgg tct agg aaa ctc ttc ttt taa Ala Pro Ser Arg Ser Arg Lys Leu Phe Phe 405 410	1233

<210> 78

<211> 410

<212> PRT

<213> Tagetes erecta

<400> 78

Met Ala Thr His Lys Leu Leu Gln Phe Thr Thr Asn Leu Pro Pro Ser
1 5 10 15

Ser Ser Ser Ile Ser Thr Gly Cys Ser Leu Ser Pro Phe Phe Leu Lys
20 25 30

Ser Ser Ser His Ser Pro Asn Pro Arg Arg His Arg Arg Ser Ala Val
35 40 45

Cys Cys Ser Phe Ala Ser Leu Asp Ser Ala Lys Ile Lys Val Val Gly
50 55 60

Val Gly Gly Gly Asn Asn Ala Val Asn Arg Met Ile Gly Ser Gly
65 70 75 80

Leu Gln Gly Val Asp Phe Tyr Ala Ile Asn Thr Asp Ser Gln Ala Leu
85 90 95

Leu Gln Ser Val Ala His Asn Pro Ile Gln Ile Gly Glu Leu Leu Thr
100 105 110

Arg Gly Leu Gly Thr Gly Gly Asn Pro Leu Leu Gly Glu Gln Ala Ala
115 120 125

Glu Glu Ser Lys Glu Ala Ile Gly Asn Ala Leu Lys Gly Ser Asp Leu
130 135 140

Val Phe Ile Thr Ala Gly Met Gly Gly Thr Gly Ser Gly Ala Ala
145 150 155 160

Pro Val Val Ala Gln Ile Ala Lys Glu Ala Gly Tyr Leu Thr Val Gly
165 170 175

Val Val Thr Tyr Pro Phe Ser Phe Glu Gly Arg Lys Arg Ser Val Gln
180 185 190

Ala Leu Glu Ala Ile Glu Lys Leu Gln Lys Asn Val Asp Thr Leu Ile
195 200 205

Val Ile Pro Asn Asp Arg Leu Leu Asp Ile Ala Asp Glu Asn Thr Pro
210 215 220

Leu Gln Asp Ala Phe Leu Leu Ala Asp Asp Val Leu Arg Gln Gly Val
225 230 235 240

Gln Gly Ile Ser Asp Ile Ile Thr Ile Pro Gly Leu Val Asn Val Asp
245 250 255

Phe Ala Asp Val Lys Ala Val Met Lys Asp Ser Gly Thr Ala Met Leu
260 265 270

Gly Val Gly Val Ser Ser Ser Lys Asn Arg Ala Glu Glu Ala Ala Glu
275 280 285

Gln Ala Thr Leu Ala Pro Leu Ile Gly Ser Ser Ile Gln Ser Ala Thr
290 295 300

Gly Val Val Tyr Asn Ile Thr Gly Gly Lys Asp Ile Thr Leu Gln Glu
305 310 315 320

Val Asn Arg Val Ser Gln Val Val Thr Ser Leu Ala Asp Pro Ser Ala
325 330 335

Asn Ile Ile Phe Gly Ala Val Val Asp Glu Arg Tyr Asn Gly Glu Ile
340 345 350

His Val Thr Ile Val Ala Thr Gly Phe Ala Gln Ser Phe Gln Lys Ser
355 360 365

Leu Leu Ala Asp Pro Lys Gly Ala Lys Leu Val Asp Arg Asn Gln Glu
370 375 380

Pro Thr Gln Pro Leu Thr Ser Ala Arg Ser Leu Thr Thr Pro Ser Pro
385 390 395 400

Ala Pro Ser Arg Ser Arg Lys Leu Phe Phe
405 410

<210> 79

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(33)

<223>

<400> 79

gcatgctcta gaccttataa agatattttg tga

33

<210> 80

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(33)

<223>

<400> 80

gcatgcacatc agaaatggtt cagtgtcaac cat

33

<210> 81

<211> 805

<212> DNA

<213> Nostoc sp. Strain PCC7120

<220>

<221> variation

<222> (1)..(805)

<223>

<400> 81
gcatgcacatc agaaatgggtt cagtgtcaac catcatctct gcattcagaa aaactggtgt 60
tattgtcatc gacaatcaga gatgataaaaa atattaataa ggttatattt attgcctgct 120
ttatcttatt tttatggca attagtttaa tcttattact ctcataatagat acatccataa 180
ttcataagag cttatttagt atagccatgc tttggcagac cttcttatat acaggttat 240
ttattactgc tcataatgc atgcacggcg tagtttatcc caaaaatccc agaataaaata 300
attttataagg taagctcaact ctaatcttgt atggactact cccttataaa gatttattga 360
aaaaacattg gttacaccac ggacatcctg gtactgattt agaccctgat tattacaatg 420
gtcatccccca aaacttcttt cttggatc tacattttat gaagtcttat tggcgatgga 480
cgcaaatttt cggtttttt atgattttc atggacttaa aaatctggtg catataaccag 540
aaaataattt aattatattt tggatgatac cttcttattt aagttcagta caactatttt 600
attttggtagt atttttgcct cataaaaaagc tagaagggtgg ttataactaac cccattgtg 660
cgccgcagtat cccattacct cttttttggc cttttgttac ttgttatcac ttccggctacc 720
acaaggaaca tcacgaatac cctcaacttc cttggtgaa attacctgaa gctcacaaaa 780
tatctttata aggtctagag catgc 805

<210> 82

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(37)

<223>

<400> 82
gcgcatgcat ctagaaatga tccagttaga acaaccca

37

<210> 83

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (37)

<223>

<400> 83

gcgcatgctc tagactattt tgctttgtaa atttctg

37

<210> 84

<211> 792

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220> [REDACTED]

<221> misc_feature

<222> (5) .. (775)

<223>

<400> 84

gcgcatgcat ctagaaatga tccagttaga acaaccactc agtcatcaag caaaaactgac 60

tccagtactg agaagtaaat ctcagttaa ggggcttttc attgctattg tcattgttag 120

cgcacatgggtc attagcctga gtttattact ttcccttgac atctcaaagc taaaattttg 180

gatgttattg cctgttatac tatggcaaac attttatat acgggattat ttattacatc 240

tcatgatgcc atgcatggcg tagtatttcc ccaaaacacc aagattaatc atttgattgg 300
aacattgacc ctatcccttt atggctttt accatatcaa aaactattga aaaaacattg 360
gttacaccac cacaatccag caagctcaat agacccggat tttcacaatg gtaaacacca 420
aagtttcttt gcttggatt ttcattttat gaaaggttac tggagttggg ggcaaataat 480
tgcgttgcact attatttata actttgctaa atacatactc catatcccaa gtgataatct 540
aacttacttt tgggtgctac cctcgctttt aagttcatta caattattct attttggcac 600
tttttaccc catagtgaac caataggggg ttatgttcag cctcattgtg cccaaacaat 660
tagccgtcct atttgggtgtt catttacac gtgctatcat tttggctacc acgaggaaca 720
tcacgaatat cctcatatcc cttggggca gttaccagaa atttacaaag caaaatagtc 780
tagagcatgc gc 792

<210> 85

<211> 26

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(26)

<223>

<400> 85

gtcgaccctg ctttaatgag atatgc

26

<210> 86

<211> 27

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (27)

<223>

<400> 86

ctcgagcttg gacaatcagt aaattga

27

<210> 87

<211> 210

<212> DNA

<213> Agrobacterium tumefaciens

<220>

<221> Terminator

<222> (1) .. (210)

<223>

<400> 87

gtcgaccctg ctttaatgag atatgcgaga cgccstatgat cgcatgatat ttgctttcaa 60

ttctgttgtg cacgttgtaa aaaacctgag catgtgttagc tcagatcctt accggccggtt 120

tcgggttcatt ctaatgaata tatcacccgt tactatcgta ttttatgaa taatattctc 180

cgttcaattt actgattgtc caagctcgag 210

<210> 88

<211> 1773

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> Promotor

<222> (1)..(1773)

<223>

<400> 88	
gagctctagc gcaatcttat gtggtacaaa tcttgattag tcggaaaaaa atgatgtggc	60
cctacaaaatg gttggaggat gggagattg gctctatcta gagttatgtg gttgttgaag	120
cattggta ctctctgctg tggtagttgg catatccaca ttgtctcctt ccactttat	180
gacaattacg tgaaagttat gggttgtttt gtctatttt gtcgaggcct ttctttcct	240
tccaggttgt tgaagatggt ccaattcgat tagaataatg ttttgagctt tagcatattc	300
tctctcgttt acacgattat agtaataatg atataggatg acagaagttg acacataaat	360
tttttattct ctccatttac tttaatccaa atctcaccta ccctaaacctt cttaatatg	420
tattcaatag tctatccgag taaattgtaa atttaacaac cattgataat attgacacct	480
actaacatat actagtaaag agaatattaa catggcacat ataatttgat gcaaaatgag	540
tatgatgaaa tttaaaccca aaatctcttg attttgacag tgcacccctt acttgttaac	600
taataagtca tgttttagtg gcagaaagac aaactcatcc accaactgta tagcaataaa	660
aaatagaaga atcttcctga ggcaaagttt tggaaaatt aagagtggct gagatttaat	720
ttcaacagga attagttcca cttaactttt aggttacgat acagtgctaa tttaataact	780
taattgtatt agatatttct tgcacccataaa aaatttaaaa actgaaaaaaaaa ggtagcaatc	840
aaaataaaaca aaaggacaaa ataagtaaaa ggtacagcca ccaaccctgg cggctcactg	900
tttgggtt aaaacgtaga ctacaccta cccaaatcta caactaaaat gaggcaataa	960
tactttgccccc aaaattacca agaaaagaaa aagaaaggaa tcccttaata ttactctct	1020
ccatttcaca ataaatatcc tagttgact taaatttagag tttaaaaaat gaaagacgac	1080
ttttaaaact tgtaatctaa aataaatcat agttaaatgt gtggctataa atcattgtat	1140
taacggtaaa gtggtaagtt taaaagttaa ttgtttcaa atataaaatt gtactatcat	1200
tcttttggaa atggactaat aagaaaacta tgacatccat tatggagcgg agggagttatc	1260
tccttttaac aataacccctt gtcaccccaa ttcaatttac agtatgcaaa cattaaaaat	1320
tattattgtat gttaagtacc acatcatcct taatgataga atcatcgtag aacgctttc	1380
caggcacaca ttcaaaacttag ttagaccagt accacacatc gaatattcca gacttcttg	1440

tttgaatagt cgactacatt ggataatgga acttctcgaa ttaacttcga attagtcgag 1500
cccaaaataa tatatacgtc gggtgaaaaa ctataaaatg tttgacaaaa atgtcaaatt 1560
aatatatcaa tctgcaacaa cctttcacc ttgagaacac agctgaaatt ttttacaaag 1620
gtagttggtg aagctagtca gcgaatccc ttaccttcca ctctacctaa cccccttcac 1680
caacaacaaa tttctgtaat taaaaacta gccaaaaaag aactctctt tacaaagagc 1740
caaagactca atcttactt tcaagaaaag ctt 1773

<210> 89

<211> 29

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(29)

<223>

<400> 89

gagctctagc gcaatcttat gtggtacaa

29

<210> 90

<211> 29

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(29)

<223>

<400> 90
aagcttttct tgaaagtaaa gatttagtc

29

<210> 91

<211> 39

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(39)

<223>

<400> 91
gcgcatgcat ctagaaatga atttttgtga taaaccagt

39

<210> 92

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(37)

<223>

<400> 92
gcgcatgctc tagattacga attgggtact gaattgt

37

<210> 93

<211> 819

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220>

<221> misc_feature

<222> (5)..(802)

<223>

<400> 93

gcgcatgcat ctagaaatga attttgtga taaaccagtt agctattatg ttgcaataga 60
gcaattaagt gctaaagaag atactgttg ggggctggtg attgtcatag taattattag 120
tctttggta gctagtttg ctttttact agctattaat tatgccaaag tcccaatttg 180
gttgataacct attgcaatag tttggcaaat gttccttat acaggctat ttattactgc 240
acatgatgct atgcatgggt cagtttatcg taaaaatccc aaaattaata attttatcgg 300
ttcactagct gtagcgctt acgctgtgtt tccatatcaa cagatgttaa agaatcattg 360
cttacatcat cgtcatcctg ctagcgaagt tgacccagat tttcatgatg gtaagagaac 420
aaacgctatt ttctggtatac tccatttcat gatagaatac tccagttggc aacagttaat 480
agtactaact atcctattna attagctaa atacgtttg cacatccatc aaataaatct 540
catcttattt tggagtattc ctccaaattt aagtccatt caactgtttt attcggaac 600
attttgccct catcgagaac ccaagaaagg atatgtttat ccccatggca gccaaacaat 660
aaaattgcca actttttgt catttatcgc ttgctaccac tttggttatc atgaagaaca 720
tcatgagtat ccccatgtac cttggtggca acttccatct gtatataagc agagagtatt 780
caacaattca gtaaccaatt cgtaatctag agcatgcgc 819

<210> 94

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (33)

<223>

<400> 94

gcgcatgcat ctagaaatgg cgatcgccat tat

33

<210> 95

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (32)

<223>

<400> 95

gcgcatgctc tagatcacaa atttgattta ga

32

<210> 96

<211> 720

<212> DNA

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<220>

<221> CDS

<222> (5) .. (703)

<223>

<400>	96		
gcgc atg cat cta gaa atg gcg atc gcc att att agt ata tgg gct atc			49
Met His Leu Glu Met Ala Ile Ala Ile Ser Ile Trp Ala Ile			
1	5	10	15
agc cta ggt ttg tta ctt tat att gat ata tcc caa ttc aag ttt tgg			97
Ser Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp			
20	25	30	
atg ttg tta ccg ctc ata ttt tgg caa aca ttt tta tat acg gga tta			145
Met Leu Leu Pro Leu Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu			
35	40	45	
ttt att aca gct cat gat gcc atg cat ggg gta gtt ttt ccc aaa aat			193
Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn			
50	55	60	
ccc aaa atc aac cat ttc att ggc tca ttg tgc ctg ttt ctt tat ggt			241
Pro Lys Ile Asn His Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly			
65	70	75	
ctt tta cct tat caa aaa ctt tta aaa aag cat tgg cta cat cac cat			289
Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His			
80	85	90	95
aat cca gcc agt gaa aca gat cca gat ttt cac aac ggg aag cag aaa			337
Asn Pro Ala Ser Glu Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys			
100	105	110	
aac ttt ttt gct tgg tat tta tat ttt atg aag cgt tac tgg agt tgg			385
Asn Phe Phe Ala Trp Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp			
115	120	125	
tta caa att atc aca tta atg att att tat aac tta cta aaa tat ata			433
Leu Gln Ile Ile Thr Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile			
130	135	140	
tgg cat ttt cca gag gat aat atg act tat ttt tgg gta gtt ccc tca			481
Trp His Phe Pro Glu Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser			
145	150	155	
att tta agt tct tta caa tta ttt tat ttt gga act ttt cta ccc cac			529
Ile Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His			
160	165	170	175
agt gag cct gta gaa ggt tat aaa gag cct cat cgt tcc caa act att			577
Ser Glu Pro Val Glu Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile			
180	185	190	
agc cgt ccc att tgg tgg tca ttt ata act tgt tac cat ttt ggt tat			625
Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr			
195	200	205	

cat tac gaa cat cat gaa tac ccc cat gtt cct tgg tgg caa tta cca His Tyr Glu His His Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro
210 215 220 673

gaa att tat aaa atg tct aaa tca aat ttg tgatctagag catgcgc Glu Ile Tyr Lys Met Ser Lys Ser Asn Leu
225 230 720

<210> 97

<211> 233

<212> PRT

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<400> 97

Met His Leu Glu Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser
1 5 10 15

Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met
20 25 30

Leu Leu Pro Leu Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe
35 40 45

Ile Thr Ala His Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro
50 55 60

Lys Ile Asn His Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly Leu
65 70 75 80

Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn
85 90 95

Pro Ala Ser Glu Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn
100 105 110

Phe Phe Ala Trp Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu
115 120 125

Gln Ile Ile Thr Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp
130 135 140

His Phe Pro Glu Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile
145 150 155 160

Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser
165 170 175

Glu Pro Val Glu Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile Ser
180 185 190

Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His
195 200 205

Tyr Glu His His Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu
210 215 220

Ile Tyr Lys Met Ser Lys Ser Asn Leu
225 230

<210> 98

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

{}

<220>

<221> primer

<222> (1) .. (37)

<223>

<400> 98

gagctcgata tctttgccag tattacaaca gcttata

37

<210> 99

<211> 31

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(31)

<223>

<400> 99

ccgggtta ctgaaaaata acagtaaaac c

31

<210> 100

<211> 2096

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(2096)

<223>

<400> 100..

gagctcgata tctttgccag tattacaaca gcttataatgt tgagcaggta aaagcttcaa 60

tgccttattc ttctacagt tatcaatgtt gtcgtctaa tatctggtgt tcttctcgaa 120

atgtcaattg gcttgacgca cattgtcctc taatatccat tcaagttct tagatgtqa 180

aacatttgtc aaatttatta atttcatagt gttcagtctc aattcttttag ctggtttcctc 240

atagtaaaagt tgtctaatat gaaataaaaa tggctgtgtt gttgtactaa tacctttca 300

tggttgtcta tagaacgtcg atgaagaggcc aaacagaaaac tattttgggc tgcgatttct 360

gataccattg tatctgaatg ctgggtggga gctcatcaga agctttacaa tgggtcacat 420

atatggagcc ggtatgagga atqctaggaa tcagttgcgt ttcgcgtact aggactttc 480

cttcctggta tttctaccca caqcccaqtt gattacgtga actccgtcaq acttggaaag 540

gagagaagta cccaaatgtc gtcttttag aaatacttt gtcacaaaat agcggggttt 600
acagctacag aagatcatgc agaaggcgtc cagtttagtt tttgaaggtt gtttggagtt 660
tatttatcta aagtaaaactt aaatcagctt ttgtttatg agttcagtga actatatgtt 720
caaataagac ttccccttgt agatatgtgt ttttttgtt gttgagcact ttgtgtgcat 780
tggataaacc cccaacgtgt aatacgtaacc atacaagaga agtaactcg actgtccatg 840
tcttatgtgg ctcgactcag aaagcattca gggggattga taaccaccct ccaaaccaac 900
tgaaccattg tgaataacca cccttcaaat caaccgagtc ctctgaagg acaaataatgt 960
ggtttatatac acattaaatt ttgttttac atgcttcctc ttacttctt agtttcttg 1020
accatatctt gcgttttcc cttctgtaat tgacactttt cttcaaacca tccagcaatg 1080
tggaagcttg acgattttcc ttcagagtag aaattgaaaa gaatcaacta aaaaggatag 1140
tccttcgatt tgatttccgg cttaaaaata aactaataag aatgagagag cgaataatag 1200
aatatttga aattttaaag atattcaact atgttaaatt gcgttataaa tttcttaat 1260
tagtagcacc taatagtttta gttctcaaaa gtcaaaacta ctacataatg tgctcatttt 1320
tcacattaaa atgcctacat gatgtaaaag taaaactcgt agcattctac gtgtttact 1380
caactcaaac atcctgtca ttttataaa cgtacgatga gctctctct ccaattttct 1440
tttcttttt tttttaaaaaa aaatattttt ttttataatca atccaaatgg gctccaattt 1500
atcataaaatt aggtagaaac ttagatatta aagaaagaaa agggtttatc tcgcaagtgt 1560
ggctatggtg ggacgtgtca aattttggat ttagccaaa catgagattt gatttaaagg 1620
gaattggcca aatcaccgaa agcaggcatc ttcatcataa attagtttgt ttatttatac 1680
agaattatac gctttacta gttatagcat tcggtatctt ttctggta actgccaaac 1740
caccacaaat ttcaagtttc catttaactc ttcaacttca acccaaccaa atttatttgc 1800
ttaattgtgc agaaccactc cctatatctt ctaggtgctt tcattcgatc cgaggtaaga 1860
aaagattttt gtttctttaa atgctttatg ccactcgatc aacttctgag gtttggat 1920
cttttaggatcg actttttttt tttttgtatg taaaatttgtt ttcataaaatg cttctcaaca 1980
taaatcttga caaagagaag gaattttacc aagtatttag gttcagaaat ggataatttt 2040
cttactgtga aatatcctta tggcaggatc tactgttatt tttcagtaaa cccggg 2096

<211> 24

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (24)

<223>

<400> 101

gagctcgaat tctctgaaaa ggag

24

<210> 102

<211> 25

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (25)

<223>

<400> 102

aagctttata gagaatgtat aagat

25

<210> 103

<211> 1222

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> Promotor

<222> (1)..(1222)

<223>

<400> 103

gagctcgaaat tctctgaaaa ggagcaccat atttgcgcga ctgtggttca tatttccaag	60
tacatTTAGA tgaactataat catcagattG aaaggTTATT gtataatcaa tccagtggat	120
tctcgTTCTG gcacCTTtag aagtacatgt gcggAAAAGA atgataaggt ttgtattgtt	180
gttgacAAAG cctgttgccT ttccatTTG taaatgttct gaacgactcc taaattactc	240
ttaaggTgtA aggtcttccg tgccTgtttG taaatataat gctgtgccgt gacttacctt	300
ttgtaccatt tggTcaaAtg tatggcctga acaccagggt tgtcaAAAt gtctcatgcc	360
cgttttattG gtctgAAAAT ggcgtgatgc caaattctgc cgctccacag tgagcatttc	420
gatctactgg aaattgacca acttattttA tcacttgata actaaacaaa atcctattaa	480
ctttaatcat acattgtatt tataccgaaa aatttatgca taactcatta aattacctt	540
tttagcagtc aaattctaaa tcagtttcta atttatcaaa atggctttta tagggtccca	600
tttccactaa tatacctgcc gtccatgcac tgactacaaa acaaatacct cactatgtt	660
gttagtgctt ggtaatataa aacctttct tttatgagaa agttcaccga gaataatttt	720
ctatttGTGG cataatagta tatagtgcag attgacaaga atttaatttt gcagttggc	780
acatgaacaa tttcctcaa agttgtagaa agtactttc attttcttgt caccgaaaat	840
tatttataat tgaaattaaa accgaatgag ctgcaagatt caagtcgaat tttcaaaaga	900
attgaccaag aaaaaattca aaaatatccc ccacccctca ccaaacacat cctaaagtga	960
ggtagatgact gggactggga ttggaaaaag ggtaaaatgc tttcactagc ttagcaaaga	1020
ttccactttg ttagctatct ttctttctca tttcctttt tctttttctt ttttttgttA	1080
tataagccaa agtaggtacc caaaagcatc aatattttgt attgcttgggt gattcctctg	1140
tagtccagta tttcattttc tacaagttcc acctccctcc ataattaacc attatcaatc	1200
ttatacattc tctataaaagc tt	1222

<210> 104

<211> 30

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(30)

<223>

<400> 104

gagctctaca aatttagggtt actttattca

30

<210> 105

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(32)

<223>

<400> 105

aagcttagaa ttatcccaa attccgtaaa tc

32

<210> 106

<211> 1540

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> Promotor

<222> (1)..(1540)

<223>

<400> 106
gagctctaca aattagggtt actttattca ttttcatcca ttctctttat tgttaaattt 60
tgtacattta ttcaataata ttatatgttt attacaaatt ctcactttct tattcataacc 120
tattcactca agcctttacc atcttccttt tctatcaa tactatttct acttcatttt 180
tcacgttttt aacatcttc tttatctt gtccacttcg ttttagggatg cctaatgtcc 240
caaatttcat ctctcgtagt aacacaaaac caatgtaatg ctacttctct ctacattttt 300
aatacaaata aagtgaaaca aaatatctat aaataaacaa atatataat tttgttagac 360
gctgtctcaa cccatcaatt aaaaaatttt gttatatttc tactttacct actaaatttg 420
tttctcatat ttacctttta acccccacaa aaaaaaatta taaaaaagaa agaaaaaaagc 480
taaacccat ttaaatagct aactataaga tcttaaaatt atcctcatca gtgtatagtt 540
taattggtta ttaacttata acattatata tctatgacat atactctctc ctagctattt 600
ctcacatttt ttaacttaag aaaatagtca taacatagtc taaaattcaa acatccacat 660
gctctaattt gattaacaaa aagttagaaa tatTTattta aataaaaaag actaataaaat 720
atataaaatg aatgttcata cgccagacca ttttagagatg agtatgcttt cacatgctga 780
gattatTTTC aaaactaagg ttgttagcaat attaaatcaa taaaatttattt ataaataaca 840
aaattaacct gctcggttt gctgtatag ggaggctaca aaataaatta aactaaagat 900
gattatgttt tagacatttt ttctatctgt attagtttat acatattaat tcaggagctg 960
cacaacccaa ttctatTTTC gttccttggt ggctgggtt ctcacaagg tcaatagtca 1020
atattaggtt ttattggact ttaaatagta tcaaacaaat ctatgtgtga actaaaaat 1080
tgtattaaat atttagggta acctgttgcc gtttttagaa taatgtttct tcttaataca 1140
cgaaagcgta ttgtgtattc attcatttg cgccctcacat gcttcgggtt gctcgcttta 1200
gtctctgcct tctttgtata ttgtactccc cctcttccta tgccacgtgt tctgagctta 1260
acaagccacg ttgcgtgcca ttgccaaaca agtcattta acttcacaag gtccgattt 1320
acctccaaaa caacgacaag tttccgaaca gtcgcgaaga tcaagggtat aatcgtctt 1380

ttgaattcta tttctcttta tttaatagtc cctctcggt gatagtttt aaaagattt 1440
taaaacgtag ctgctgttta agtaaatccc agtccttcag tttgtgcttt tgtgtgtttt 1500
gttctctga ttacggaat ttggaaataa ttctaagctt 1540



Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No PCT/EP2004/008624
--

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
IPC 7 C12N15/82

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C12N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, EMBASE, BIOSIS, FSTA, Sequence Search, EMBL

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 00/32788 A (HANSENS LAB) 8 June 2000 (2000-06-08) page 8, line 4 – line 10 page 18, line 12 – line 29 page 22, line 30 – page 23, line 3 -----	1-4,8-18
P,X	DE 102 53 112 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA) 3 June 2004 (2004-06-03) '0174!, '0135!–'0136! '0165! Erfindung 1, Erfindung 3, Erfindung 4 -& EP 0 524 910 A (SANDOZ LTD ; SANDOZ AG (DE)) 27 January 1993 (1993-01-27) page 3, line 36 – page 4, line 13 page 4, line 29 – line 41 -----	1-4,6, 8-18
A	-/--	1-4,8-18

Further documents are listed in the continuation of box C.

Patent family members are listed in annex.

° Special categories of cited documents :

- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the International filing date
- "L" document which may throw doubts on priority, claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the International filing date but later than the priority date claimed

- "T" later document published after the International filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- "X" document of particular relevance; the claimed Invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- "Y" document of particular relevance; the claimed Invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the International search

27 April 2005

Date of mailing of the International search report

17.05.2005

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Schönwasser, D

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

PCT/EP2004/008624

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	BENFEY P N ET AL: "SEQUENCE REQUIREMENTS OF THE 5 ENOLPYRUVYLSHIKIMATE-3-PHOSPHATE SYNTHASE 5'-UPSTREAM REGION FOR TISSUE-SPECIFIC EXPRESSION IN FLOWERS AND SEEDLINGS" PLANT CELL, vol. 2, no. 9, 1990, pages 849-856, XP008040524 ISSN: 1040-4651 Erfindung 1 the whole document -& DATABASE EMBL 'Online' 13 September 1990 (1990-09-13), "Petunia 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EPSP synthase) gene, 5' end." XP002311157 Database accession no. M37029	1-4,8-18
Y	WO 98/14465 A (COLORADO STATE UNIVERSITY THRO (US)) 9 April 1998 (1998-04-09) Erfindung 1 page 12, line 3 - page 13, line 12	1-4,8-18
Y	WO 00/66747 A (ZENECA LTD (GB)) 9 November 2000 (2000-11-09) Erfindung 1 page 2, line 30 - page 3, line 16 page 7, line 1 - line 27	1-4,8-18
Y	WO 02/061050 A (UNIV MARYLAND) 8 August 2002 (2002-08-08) Erfindung 1 page 18, line 13 - page 19, line 3	1-4,8-18
A	BENFEY P N ET AL: "REGULATED GENES IN TRANSGENIC PLANTS" SCIENCE, AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE,, US, vol. 244, 1989, pages 174-181, XP001183154 ISSN: 0036-8075 the whole document	1-4,8-18
X	WO 00/08920 A (YISSUM RESEARCH AND DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW UNIVERSITY OF JE) 24 February 2000 (2000-02-24) Erfindung 2 page 3, line 8 - line 18; sequence 9 page 5, line 15 - line 19 page 5, line 35 - line 37 page 7, line 5 - line 10 page 11, line 34 - page 12, line 8	1-3,5, 8-18
	-/-	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP2004/008624

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	RONEN GIL ET AL: "An alternative pathway to beta-carotene formation in plant chromoplasts discovered by map-based cloning of Beta and old-gold color mutations in tomato" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE. WASHINGTON, US, vol. 97, no. 20, 26 September 2000 (2000-09-26), pages 11102-11107, XP002183691 ISSN: 0027-8424 cited in the application Erfindung 2	1-3,5, 8-18
X	EP 1 323 825 A (ENEA ENTE PER LE NUOVE TECNOLOGIE; BIOGEN S.R.L) 2 July 2003 (2003-07-02) Erfindung 3 '0027!-'0032!; '0038!; '0049!	1-3,6, 8-18
X	CORONA V ET AL: "REGULATION OF A CAROTENOID BIOSYNTHESIS GENE PROMOTER DURING PLANT DEVELOPMENT" PLANT JOURNAL, BLACKWELL SCIENTIFIC PUBLICATIONS, OXFORD, GB, vol. 9, no. 4, 1996, pages 505-512, XP001121457 ISSN: 0960-7412 Erfindung 3	1-3,6, 8-18
P,X	DE 102 38 978 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 4 March 2004 (2004-03-04) Erfindung 3	1-3,6, 8-18
P,X	DE 102 38 979 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 26 February 2004 (2004-02-26) Erfindung 3, 4 '0001!, '0067!, '0085!, '0164!, '0200!, '0209!	1-3,6-18
P,X	DE 102 38 980 A1 (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE!) 4 March 2004 (2004-03-04) Erfindung 4 Beispiel 14, bes. '024!; '0434!-'0435!, '0400!-'0442!, example 11	1-3,7-18
X	WO 98/24300 A (YISSUM RESEARCH DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW) 11 June 1998 (1998-06-11) Erfindung 4 sequence 10	1-3,7-18
P,X	WO 2004/027069 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE) 1 April 2004 (2004-04-01) Erfindung 4 page 47, line 1 - line 7; example 6	1-3,7-18

-/-

INTERNATIONAL SEARCH REPORTInternational Application No
PCT/EP2004/008624**C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT**

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 99/61399 A (THE UNIVERSITY OF MARYLAND) 2 December 1999 (1999-12-02) Erforschungen 2-4 page 8, line 21 - line 29 -----	1-18

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/EP2004/008624

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. Claims Nos.: because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. Claims Nos.: because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. Claims Nos.: because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see supplemental sheet

1. As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/EP2004/008624

The International Searching Authority has determined that this international application contains multiple (groups of) inventions, namely

1. Claims 1-3, 8-18 (in part), 4 (in full)

use of an EPSPS promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

2. Claims 1-3, 8-18 (in part), 5 (in full)

use of a B gene promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

3. Claims 1-3, 8-18 (in part), 6 (in full)

use of a PDS promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

4. Claims 1-3, 8-18 (in part), 7 (in full)

use of a CHRC promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP2004/008624

Patent document cited in search report		Publication date		Patent family member(s)		Publication date
WO 0032788	A	08-06-2000	US	6232530 B1		15-05-2001
			AU	1503000 A		19-06-2000
			WO	0032788 A2		08-06-2000
			EP	1137782 A2		04-10-2001
			JP	2002531094 T		24-09-2002
			PL	348454 A1		20-05-2002
DE 10253112	A	03-06-2004	DE	10253112 A1		03-06-2004
			AU	2003253416 A1		11-03-2004
			AU	2003258623 A1		11-03-2004
			AU	2003260423 A1		11-03-2004
			AU	2003260424 A1		11-03-2004
			AU	2003264062 A1		11-03-2004
			AU	2003287944 A1		29-03-2004
			WO	2004018693 A2		04-03-2004
			WO	2004018385 A2		04-03-2004
			WO	2004018694 A2		04-03-2004
			WO	2004018695 A2		04-03-2004
			WO	2004017749 A2		04-03-2004
			WO	2004022765 A2		18-03-2004
EP 0524910	A	27-01-1993	AU	2051492 A		28-01-1993
			CA	2074541 A1		26-01-1993
			EP	0524910 A2		27-01-1993
			JP	5227978 A		07-09-1993
			NZ	243694 A		23-12-1993
			ZA	9205599 A		24-01-1994
WO 9814465	A	09-04-1998	US	5824875 A		20-10-1998
			AU	4892997 A		24-04-1998
			CA	2267074 A1		09-04-1998
			EP	0961777 A1		08-12-1999
			WO	9814465 A1		09-04-1998
			US	6184449 B1		06-02-2001
			US	2002083484 A1		27-06-2002
			US	6723839 B1		20-04-2004
WO 0066747	A	09-11-2000	AU	4133900 A		17-11-2000
			BR	0010069 A		22-01-2002
			CA	2365591 A1		09-11-2000
			CN	1359423 A		17-07-2002
			CZ	20013856 A3		17-04-2002
			EP	1173581 A1		23-01-2002
			WO	0066747 A1		09-11-2000
			HU	0201018 A2		29-07-2002
			JP	2003523173 T		05-08-2003
			MX	PA01010922 A		24-06-2003
			PL	356648 A1		28-06-2004
			US	2003079246 A1		24-04-2003
			ZA	200108766 A		24-01-2003
			AU	4133100 A		17-11-2000
			BR	0010169 A		05-02-2002
			CA	2365590 A1		09-11-2000
			CN	1359422 A		17-07-2002
			CZ	20013859 A3		17-04-2002
			EP	1173580 A1		23-01-2002
			WO	0066746 A1		09-11-2000
			HU	0201013 A2		29-07-2002

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP2004/008624

Patent document cited in search report	Publication date		Patent family member(s)	Publication date
WO 0066747	A		JP 2003527080 T MX PA01010930 A PL 354925 A1 US 2003049814 A1	16-09-2003 30-06-2003 22-03-2004 13-03-2003
WO 02061050	A	08-08-2002	WO 02061050 A2 US 2004171822 A1	08-08-2002 02-09-2004
WO 0008920	A	24-02-2000	US 6252141 B1 AU 5480499 A EP 1104985 A1 WO 0008920 A1	26-06-2001 06-03-2000 13-06-2001 24-02-2000
EP 1323825	A	02-07-2003	IT RM20010670 A1 EP 1323825 A2	09-05-2003 02-07-2003
DE 10238978	A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238979	A1	26-02-2004	AU 2003250193 A1 AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004027069 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	08-04-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 01-04-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238980	A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 AU 2003287944 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2 WO 2004022765 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 29-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 18-03-2004
WO 9824300	A	11-06-1998	AU 5133598 A	29-06-1998

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP2004/008624

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)		Publication date
WO 9824300	A	EP 0998189 A1		10-05-2000
		WO 9824300 A1		11-06-1998
		JP 2002516567 T		04-06-2002
		US 6551793 B1		22-04-2003
WO 2004027069	A 01-04-2004	DE 10238979 A1		26-02-2004
		AU 2003250193 A1		08-04-2004
		AU 2003253416 A1		11-03-2004
		AU 2003258622 A1		11-03-2004
		AU 2003258623 A1		11-03-2004
		AU 2003260423 A1		11-03-2004
		AU 2003260424 A1		11-03-2004
		AU 2003264062 A1		11-03-2004
		WO 2004027069 A1		01-04-2004
		WO 2004018688 A1		04-03-2004
		WO 2004018693 A2		04-03-2004
		WO 2004018385 A2		04-03-2004
		WO 2004018694 A2		04-03-2004
		WO 2004018695 A2		04-03-2004
		WO 2004017749 A2		04-03-2004
WO 9961399	A 02-12-1999	US 2002086380 A1		04-07-2002
		AU 4308499 A		13-12-1999
		BR 9911597 A		13-02-2001
		CA 2329156 A1		02-12-1999
		EP 1080057 A1		07-03-2001
		JP 2002516077 T		04-06-2002
		MX PA00011580 A		17-10-2002
		WO 9961399 A1		02-12-1999
		US 2003220405 A1		27-11-2003

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
IPK 7 C12N15/82

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
IPK 7 C12N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der Internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, EMBASE, BIOSIS, FSTA, Sequence Search, EMBL

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENDE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile .	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 00/32788 A (HANSENS LAB) 8. Juni 2000 (2000-06-08) Seite 8, Zeile 4 - Zeile 10 Seite 18, Zeile 12 - Zeile 29 Seite 22, Zeile 30 - Seite 23, Zeile 3 -----	1-4,8-18
P,X	DE 102 53 112 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA) 3. Juni 2004 (2004-06-03) '0174!, '0135!-'0136! '0165! Erfahrung 1, Erfahrung 3, Erfahrung 4 -& EP 0 524 910 A (SANDOZ LTD ; SANDOZ AG (DE)) 27. Januar 1993 (1993-01-27) Seite 3, Zeile 36 - Seite 4, Zeile 13 Seite 4, Zeile 29 - Zeile 41 -----	1-4,6, 8-18
A	-/-	1-4,8-18

Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist.

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem Internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung,

eine Nutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem Internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem Internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der Internationalen Recherche

Absendedatum des Internationalen Recherchenberichts

27. April 2005

17.05.2005

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Schönwasser, D

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	BENFEY P N ET AL: "SEQUENCE REQUIREMENTS OF THE 5 ENOLPYRUVYLSHIKIMATE-3-PHOSPHATE SYNTHASE 5'-UPSTREAM REGION FOR TISSUE-SPECIFIC EXPRESSION IN FLOWERS AND SEEDLINGS" PLANT CELL, Bd. 2, Nr. 9, 1990, Seiten 849-856, XP008040524 ISSN: 1040-4651 Erfindung 1 das ganze Dokument -& DATABASE EMBL 'Online!' 13. September 1990 (1990-09-13), "Petunia 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EPSP synthase) gene, 5' end." XP002311157 Database accession no. M37029	1-4,8-18
Y	WO 98/14465 A (COLORADO STATE UNIVERSITY THRO (US)) 9. April 1998 (1998-04-09) Erfindung 1 Seite 12, Zeile 3 - Seite 13, Zeile 12	1-4,8-18
Y	WO 00/66747 A (ZENECA LTD (GB)) 9. November 2000 (2000-11-09) Erfindung 1 Seite 2, Zeile 30 - Seite 3, Zeile 16 Seite 7, Zeile 1 - Zeile 27	1-4,8-18
Y	WO 02/061050 A (UNIV MARYLAND) 8. August 2002 (2002-08-08) Erfindung 1 Seite 18, Zeile 13 - Seite 19, Zeile 3	1-4,8-18
A	BENFEY P N ET AL: "REGULATED GENES IN TRANSGENIC PLANTS" SCIENCE, AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE,, US, Bd. 244, 1989, Seiten 174-181, XP001183154 ISSN: 0036-8075 das ganze Dokument	1-4,8-18
X	WO 00/08920 A (YISSUM RESEARCH AND DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW UNIVERSITY OF JE) 24. Februar 2000 (2000-02-24) Erfindung 2 Seite 3, Zeile 8 - Zeile 18; Sequenz 9 Seite 5, Zeile 15 - Zeile 19 Seite 5, Zeile 35 - Zeile 37 Seite 7, Zeile 5 - Zeile 10 Seite 11, Zeile 34 - Seite 12, Zeile 8	1-3,5, 8-18
		-/-

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/EP2004/008624

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		Betr. Anspruch Nr.
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	
A	RONEN GIL ET AL: "An alternative pathway to beta-carotene formation in plant chromoplasts discovered by map-based cloning of Beta and old-gold color mutations in tomato" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE, WASHINGTON, US, Bd. 97, Nr. 20, 26. September 2000 (2000-09-26), Seiten 11102-11107, XP002183691 ISSN: 0027-8424 in der Anmeldung erwähnt Erfindung 2	1-3,5, 8-18
X	EP 1 323 825 A (ENEA ENTE PER LE NUOVE TECNOLOGIE; BIOGEN S.R.L) 2. Juli 2003 (2003-07-02) Erfindung 3 '0027!-'0032!; '0038!; '0049!	1-3,6, 8-18
X	CORONA V ET AL: "REGULATION OF A CAROTENOID BIOSYNTHESIS GENE PROMOTER DURING PLANT DEVELOPMENT" PLANT JOURNAL, BLACKWELL SCIENTIFIC PUBLICATIONS, OXFORD, GB, Bd. 9, Nr. 4, 1996, Seiten 505-512, XP001121457 ISSN: 0960-7412 Erfindung 3	1-3,6, 8-18
P,X	DE 102 38 978 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 4. März 2004 (2004-03-04) Erfindung 3	1-3,6, 8-18
P,X	DE 102 38 979 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 26. Februar 2004 (2004-02-26) Erfindung 3, 4 '0001!, '0067!, '0085!, '0164!, '0200!, '0209!	1-3,6-18
P,X	DE 102 38 980 A1 (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE!) 4. März 2004 (2004-03-04) Erfindung 4 Beispiel 14, bes. '024!; '0434!-'0435!, '0400!-'0442!, Beispiel 11	1-3,7-18
X	WO 98/24300 A (YISSUM RESEARCH DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW) 11. Juni 1998 (1998-06-11) Erfindung 4 Sequenz 10	1-3,7-18
P,X	WO 2004/027069 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE) 1. April 2004 (2004-04-01) Erfindung 4 Seite 47, Zeile 1 - Zeile 7; Beispiel 6	1-3,7-18

-/-

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 99/61399 A (THE UNIVERSITY OF MARYLAND) 2. Dezember 1999 (1999-12-02) Erfindungen 2-4 Seite 8, Zeile 21 - Zeile 29 -----	1-18

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/EP2004/008624

Feld II Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Teile der Internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle Internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich

3. Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld III Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die Internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese Internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
 Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, dass diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 4 (vollständig)

Verwendung eines EPSPS Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

2. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 5 (vollständig)

Verwendung eines B-Gene Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

3. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 6 (vollständig)

Verwendung eines PDS Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

4. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 7 (vollständig)

Verwendung eines CHRC Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

INTERNATIONALE RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument		Datum der Veröffentlichung		Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
WO 0032788	A	08-06-2000	US	6232530 B1		15-05-2001
			AU	1503000 A		19-06-2000
			WO	0032788 A2		08-06-2000
			EP	1137782 A2		04-10-2001
			JP	2002531094 T		24-09-2002
			PL	348454 A1		20-05-2002
DE 10253112	A	03-06-2004	DE	10253112 A1		03-06-2004
			AU	2003253416 A1		11-03-2004
			AU	2003258623 A1		11-03-2004
			AU	2003260423 A1		11-03-2004
			AU	2003260424 A1		11-03-2004
			AU	2003264062 A1		11-03-2004
			AU	2003287944 A1		29-03-2004
			WO	2004018693 A2		04-03-2004
			WO	2004018385 A2		04-03-2004
			WO	2004018694 A2		04-03-2004
			WO	2004018695 A2		04-03-2004
			WO	2004017749 A2		04-03-2004
			WO	2004022765 A2		18-03-2004
EP 0524910	A	27-01-1993	AU	2051492 A		28-01-1993
			CA	2074541 A1		26-01-1993
			EP	0524910 A2		27-01-1993
			JP	5227978 A		07-09-1993
			NZ	243694 A		23-12-1993
			ZA	9205599 A		24-01-1994
WO 9814465	A	09-04-1998	US	5824875 A		20-10-1998
			AU	4892997 A		24-04-1998
			CA	2267074 A1		09-04-1998
			EP	0961777 A1		08-12-1999
			WO	9814465 A1		09-04-1998
			US	6184449 B1		06-02-2001
			US	2002083484 A1		27-06-2002
			US	6723839 B1		20-04-2004
WO 0066747	A	09-11-2000	AU	4133900 A		17-11-2000
			BR	0010069 A		22-01-2002
			CA	2365591 A1		09-11-2000
			CN	1359423 A		17-07-2002
			CZ	20013856 A3		17-04-2002
			EP	1173581 A1		23-01-2002
			WO	0066747 A1		09-11-2000
			HU	0201018 A2		29-07-2002
			JP	2003523173 T		05-08-2003
			MX	PA01010922 A		24-06-2003
			PL	356648 A1		28-06-2004
			US	2003079246 A1		24-04-2003
			ZA	200108766 A		24-01-2003
			AU	4133100 A		17-11-2000
			BR	0010169 A		05-02-2002
			CA	2365590 A1		09-11-2000
			CN	1359422 A		17-07-2002
			CZ	20013859 A3		17-04-2002
			EP	1173580 A1		23-01-2002
			WO	0066746 A1		09-11-2000
			HU	0201013 A2		29-07-2002

INTERNATIONALE RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung		Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 0066747	A		JP 2003527080 T MX PA01010930 A PL 354925 A1 US 2003049814 A1	16-09-2003 30-06-2003 22-03-2004 13-03-2003
WO 02061050	A	08-08-2002	WO 02061050 A2 US 2004171822 A1	08-08-2002 02-09-2004
WO 0008920	A	24-02-2000	US 6252141 B1 AU 5480499 A EP 1104985 A1 WO 0008920 A1	26-06-2001 06-03-2000 13-06-2001 24-02-2000
EP 1323825	A	02-07-2003	IT RM20010670 A1 EP 1323825 A2	09-05-2003 02-07-2003
DE 10238978	A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238979	A1	26-02-2004	AU 2003250193 A1 AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004027069 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	08-04-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 01-04-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238980	A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 AU 2003287944 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2 WO 2004022765 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 29-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 18-03-2004
WO 9824300	A	11-06-1998	AU 5133598 A	29-06-1998

INTERNATIONALE RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung		Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9824300 A		EP	0998189 A1	10-05-2000
		WO	9824300 A1	11-06-1998
		JP	2002516567 T	04-06-2002
		US	6551793 B1	22-04-2003
WO 2004027069 A	01-04-2004	DE	10238979 A1	26-02-2004
		AU	2003250193 A1	08-04-2004
		AU	2003253416 A1	11-03-2004
		AU	2003258622 A1	11-03-2004
		AU	2003258623 A1	11-03-2004
		AU	2003260423 A1	11-03-2004
		AU	2003260424 A1	11-03-2004
		AU	2003264062 A1	11-03-2004
		WO	2004027069 A1	01-04-2004
		WO	2004018688 A1	04-03-2004
		WO	2004018693 A2	04-03-2004
		WO	2004018385 A2	04-03-2004
		WO	2004018694 A2	04-03-2004
		WO	2004018695 A2	04-03-2004
		WO	2004017749 A2	04-03-2004
WO 9961399 A	02-12-1999	US	2002086380 A1	04-07-2002
		AU	4308499 A	13-12-1999
		BR	9911597 A	13-02-2001
		CA	2329156 A1	02-12-1999
		EP	1080057 A1	07-03-2001
		JP	2002516077 T	04-06-2002
		MX	PA00011580 A	17-10-2002
		WO	9961399 A1	02-12-1999
		US	2003220405 A1	27-11-2003

THIS PAGE BLANK (USPTO)